

UNIVERSIDAD NACIONAL AGRARIA

LA MOLINA

ESCUELA DE POSTGRADO

MAESTRÍA EN PRODUCCIÓN ANIMAL



**“ESTRUCTURA GENÉTICA POBLACIONAL Y TENDENCIA
GENÉTICA DE PESO VIVO AL NACIMIENTO EN ALPACAS DEL
BANCO DE GERMOPLASMA DE QUIMSACHATA DEL INIA EN
PUNO”**

Presentado por:

GERARDO CORNELIO MAMANI MAMANI

**TESIS PARA OPTAR EL GRADO DE
MAGISTER SCIENTIAE EN
PRODUCCIÓN ANIMAL**

Lima - Perú

2013

DEDICATORIA

A Dios

a mis padres, hermanos especialmente

a Lali y Artacho

y a mis sobrinos Renso y Adriano, mi gran motivación.

AGRADECIMIENTO

Al Ph.D. Gustavo Gutiérrez Reynoso, patrocinador del presente trabajo de investigación por su orientación, enseñanzas valiosas y consejos.

A los miembros de jurado de tesis Ph.D. Juan Chávez Cossío, Dr. Jorge Aliaga Gutiérrez y Mg. Sc. Edwin Mellisho Salas, por la revisión y sugerencias para la elaboración de este estudio.

A la Cooperación Técnica Belga por la beca de estudios de maestría.

A los Doctores Teodosio Huanca, Nolberto Apaza, Mario Lino Gonzales, Rómulo Sapana, Rubén Mamani Cato y personal que labora en el Banco de Germoplasma de Quimsachata, del Instituto Nacional de Innovación Agraria -Puno por las facilidades dadas para realizar este estudio.

Al Mg.Sc. Jorge Calderón por sus enseñanzas y constante guía en el trabajo del presente estudio, al Ph.D. Alberto Barrón López por sus sugerencias en el resumen y su respectiva traducción.

Al Dr. Juan Pablo Gutiérrez García, por su contribución a la formulación del proyecto de tesis, por las explicaciones para el entendimiento del programa Endog y de los resultados del modelo animal.

A los profesores de las maestrías de Producción Animal, Nutrición Animal, Agronegocios y Estadística de la Escuela de Post Grado de la Universidad Nacional Agraria La Molina, por sus enseñanzas y amistad durante mis estudios en esta institución.

A todos mis compañeros de estudios de la maestría, en especial a Cynthia, Connie, Emma, Jorge Gerardo, Jorge Luis, Folke y Freddy por compartir su amistad y compañerismo.

RESUMEN

Con el fin de contribuir a la adecuada gestión del Banco de Germoplasma de Camélidos de Quimsachata (INIA - Puno), se realizó un estudio de la estructura genética de su población de alpacas durante los años 1998 a 2012. Los objetivos específicos fueron i) analizar la estructura genética de la población mediante análisis genealógico y ii) determinar la tendencia genética para peso vivo al nacimiento. Se elaboró un archivo de datos fenotípicos y de genealogía, tomándose como variable de estudio el peso vivo. Para el análisis de la estructura genética se usaron los programas Endog v4.8 y Poprep. Se utilizó un modelo animal que incluye como efectos fijos al sexo, color, mes y año de nacimiento y como covariable la edad de la madre al parto; y como efectos aleatorios el efecto genético directo y el materno para estimar los parámetros genéticos y los valores genéticos para peso vivo al nacimiento. Las soluciones del modelo animal fueron obtenidas mediante el programa Asreml v3.0, luego se calculó el promedio de estos valores por año de parición y se graficó la tendencia genética anual. Se halló una mayor información genealógica por el lado materno que por la vía paterna. El promedio de generaciones máximas, completas y equivalentes fueron de 1.33, 0.52 y 0.85, respectivamente; y el coeficiente de consanguinidad promedio de la población fue de 0.04 %. El tamaño efectivo poblacional fue de 124 ± 54 cabezas. El intervalo generacional mediante las dos vías, edad promedio de los padres al nacimiento de su progenie que serán seleccionados como reproductores y edad promedio de los padres al nacimiento de toda su progenie, fueron de 5.2 y 5.68 años, respectivamente. La heredabilidad directa para peso vivo al nacimiento fue de 0.37 ± 0.03 al incluirse en el modelo solo el efecto genético aditivo directo, y de 0.04 ± 0.03 al incorporarse al efecto genético materno. Los resultados de los parámetros poblacionales indican que no existen riesgos de niveles elevados de consanguinidad, y que el manejo fue adecuado con los propósitos de conservación en el banco. La tendencia genética de peso vivo al nacimiento se mantuvo estable en el periodo de estudio.

Palabras clave: alpaca, banco de germoplasma, peso vivo al nacimiento

SUMMARY

A study of the genetic structure of the population of alpacas during the years 1998-2012 was carried out in order to improve the management of Germplasm Bank of Camelids in Quimsachata (INIA, Puno). The specific objectives of the study were i) to analyze the genetic structure of the population by pedigree analysis and ii) to determine the genetic trend for birth weight. Phenotypic and genealogy data were built, the response variable was birth weight. The Endog v4.8 and Poprep softwares were used for analyzing the genetic structure. An animal model was used to estimate genetic parameters and breeding values for birth weight, where sex, color, month and year of birth and age of dam at calving as covariate, were considered as fixed effects, and of direct genetic and maternal genetics as random effects. Animal model solutions were obtained using Asreml v3.0. The average of breeding value were calculated by calving year, and annual genetic trend was plotted. It was found greater genealogical information for maternal side than for paternal side. The average maximum, complete and equivalent generations were 1.33, 0.52 and 0.85, respectively, and the average inbreeding coefficient was 0.04%. The effective population size was 124 ± 54 heads. The generation interval calculated in two ways, a) the average age of parents at the birth of offspring kept for reproduction, and b) average age of parents at the birth of its progeny, were 5.2 and 5.68 years, respectively. The direct heritability for birth weight was 0.37 ± 0.03 when only the direct additive genetic effect was included in the model, and 0.04 ± 0.03 when the maternal genetic effect was added in the model. The population parameters indicated that there was not high inbreeding risk, and the management was appropriate to conservation practice in the Germplasm Bank. The genetic trend showed that breeding values for birth weight remained stable throughout the study period.

Keywords: alpaca, germplasm bank, birth weight

ÍNDICE

DEDICATORIA.....	i
AGRADECIMIENTO	ii
RESUMEN	iii
SUMMARY	iv
ÍNDICE.....	v
LISTA DE CUADROS	viii
LISTA DE FIGURAS	ix
LISTADO DE ANEXOS	x
I. INTRODUCCIÓN	1
II. REVISIÓN DE LITERATURA	2
2.1 LA ALPACA	2
2.1.1 COLOR	2
2.1.2 PESO VIVO AL NACIMIENTO	3
2.2 BANCO DE GERMOPLASMA	4
2.2.1 BANCO DE GERMOPLASMA DE QUIMSACHATA.....	6
2.3 ESTRUCTURA GENÉTICA DE LA POBLACIÓN.....	8
2.3.1 GRADO DE PROFUNDIDAD DE PEDIGRÍ	9
2.3.2 INTERVALO GENERACIONAL.....	9
2.3.3 COEFICIENTE DE CONSANGUINIDAD	10
2.3.4 TAMAÑO EFECTIVO DE LA POBLACIÓN	12
2.3.5 PROBABILIDAD DE ORIGEN DE LOS GENES.....	16
a. Número Efectivo de Fundadores	16
b. Número Efectivo de Ancestros	16
2.3.6 ESTADÍSTICOS DE WRIGHT	17
2.4 EVALUACIÓN GENÉTICA	17
2.4.1 ESTIMACIÓN DE COMPONENTES DE VARIANZA	19
a. Método de Máxima Verosimilitud Restringida.....	19

2.4.2	MODELOS DE EVALUACIÓN GENÉTICA	22
2.4.3	MODELO ANIMAL CON EFECTO MATERNO	24
III.	MATERIALES Y MÉTODOS.....	26
3.1	LUGAR DE EJECUCIÓN	26
3.2	DE LOS ANIMALES DE ESTUDIO	27
3.3	DE LA VARIABLE DE ESTUDIO	29
3.4	DE LOS DATOS	29
3.5	ANÁLISIS ESTADÍSTICO	31
3.6	ESTRUCTURA GENÉTICA POBLACIONAL.....	31
3.6.1	GRADO DE PROFUNDIDAD DE PEDIGRÍ	31
3.6.2	INTERVALO DE GENERACIONES	32
3.6.3	ESTIMACIÓN DE COEFICIENTE DE CONSANGUINIDAD	32
3.6.4	ESTIMACIÓN DE TAMAÑO EFECTIVO DE LA POBLACIÓN	33
3.6.5	ESTIMACIÓN DE LAS PROBABILIDADES DE ORIGEN DE LOS GENES.....	33
a.	Número Efectivo de Fundadores	33
b.	Número Efectivo de Ancestros.....	33
3.7	ESTIMACIÓN DE PARÁMETROS Y VALOR GENÉTICO.....	34
3.7.1	MODELO ANIMAL UNIVARIADO	34
3.7.2	MODELO ANIMAL CON EFECTO MATERNO	35
3.7.3	DETERMINACIÓN DE LA TENDENCIA GENÉTICA.....	37
3.8	SOFTWARE PARA ANÁLISIS.....	37
IV.	RESULTADOS Y DISCUSIÓN	38
4.1	ESTRUCTURA GENÉTICA POBLACIONAL.....	38
4.1.1	PROFUNDIDAD DE PEDIGRÍ	41
4.1.2	INTERVALO GENERACIONAL.....	44
4.1.3	COEFICIENTE DE CONSANGUINIDAD	45
4.1.4	TAMAÑO EFECTIVO DE LA POBLACIÓN	47
4.1.5	ESTIMADOS DE PROBABILIDAD DE ORIGEN DE LOS GENES.....	48
a.	Número Efectivo de Fundadores	48
b.	Número Efectivo de Ancestros.....	48

4.1.6 PARÁMETROS POR GRUPOS DE COLORES.....	49
4.2 PESO VIVO AL NACIMIENTO.....	51
4.2.1 ESTIMADOS DE COMPONENTES DE VARIANZA Y HEREDABILIDAD.....	52
4.2.2 TENDENCIA GENÉTICA DE PESO VIVO AL NACIMIENTO	54
V. CONCLUSIONES.....	56
VI. RECOMENDACIONES	57
VII. REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS	58
VIII. ANEXO	70

LISTA DE CUADROS

Cuadro 1: Estimaciones de heredabilidad y error estándar para peso vivo al nacimiento en alpacas.	4
Cuadro 2: Número de animales, records, promedios, desviación estándar, valores mínimos y máximos de peso vivo al nacimiento por cada año, en alpacas de Quimsachata.....	30
Cuadro 3: Distribución de edades de padres por año de nacimiento de su progenie entre 2001 y 2012.....	39
Cuadro 4: Distribución de edades de madres por año de nacimiento de su progenie entre 2001 y 2012.....	39
Cuadro 5: Numero de madres según número de parto por año de 1997 hasta 2012.	40
Cuadro 6: Número de alpacas por generaciones máximas y generaciones completas.	43
Cuadro 7: Intervalo de generación (años) y media de edades de los padres al nacimiento de su progenie de alpacas de Quimsachata.	44
Cuadro 8: Coeficiente de consanguinidad (F) de los individuos consanguíneos de la población de alpacas de Quimsachata.....	45
Cuadro 9: Principales parámetros de la estructura poblacional por grupo de colores en alpacas de Quimsachata.	50
Cuadro 10: Análisis de variancia sobre los pesos al nacimiento de alpacas de Quimsachata.....	52
Cuadro 11: Estimados de componentes de varianza, heredabilidades y correlación genética directa y materna para peso vivo al nacimiento.....	54

LISTA DE FIGURAS

Figura 1: Panel de identificación del Banco de Germoplasma de Quimsachata.	7
Figura 2: Alpacas de color en el Centro del Banco de Germoplasma de Quimsachata.	8
Figura 3: Efectos genéticos (directo y materno) que influyen sobre la evaluación genética de características hasta el destete (Tomado de Elzo y Vergara 2012).	25
Figura 4: Ubicación geográfica del Banco de Germoplasma de Quimsachata.	27
Figura 5: Tonalidades de capa de alpacas del Banco de Germoplasma de Quimsachata; 1- gris, 2 – api o ruano, 3 - blanco, 4 - Light Fawn (LF) o canela, 5 - café, 6 - café oscuro, 7 café rojizo y 8 - negro.	28
Figura 6: Histograma de frecuencias para la distribución de la variable peso vivo al nacimiento de alpacas de 1998 a 2012 en Quimsachata.	29
Figura 7: Número de padres, madres y crías por año entre 1997 y 2012.	41
Figura 8: Nivel de integridad de la información genealógica en el Banco de Germoplasma de Quimsachata.	43
Figura 9: Variación anual entre el promedio del coeficiente de consanguinidad (F) y el número de animales consanguíneos en Quimsachata.	46
Figura 10: Evolución del cambio de la población explicada por los ancestros.	49
Figura 11: Comparación entre el promedio del coeficiente de consanguinidad (F) y el número de animales consanguíneos por año en Quimsachata.	51
Figura 12: Tendencia de los valores fenotípicos de peso vivo al nacimiento.	52
Figura 13: Tendencia de los valores genéticos aditivos para peso vivo al nacimiento de alpacas de Quimsachata.	55
Figura 14: Tendencia de los valores genéticos maternos para peso vivo al nacimiento de alpacas de Quimsachata.	55

LISTADO DE ANEXOS

ANEXO 1: Archivo de genealogía y de fenotipo de alpacas de Quimsachata (parte inicial).....	71
ANEXO 2: Archivo de genealogía y de fenotipo de alpacas de Quimsachata (parte final).....	72
ANEXO 3: Archivo de ingreso de datos para el programa Endog v4.8.....	73
ANEXO 4: Resultados de parámetros de estructura poblacional obtenidos con el programa Endog v4.8.....	74
ANEXO 5: Archivo de ingreso de datos al programa Poprep.....	75
ANEXO 6: Programa Poprep para el análisis genealógico.	76
ANEXO 7: Archivo de genealogía para ingreso al programa Pedigri Viewer.....	77
ANEXO 8: Programa Context para editar información de fenotipo y de genealogía.	78
ANEXO 9: Comandos para la estimación de componentes de varianza en el programa Asreml.....	79
ANEXO 10: Resultados de componentes de varianza y parámetros genéticos en el programa Asreml.	79
ANEXO 11: Promedio de peso vivo al nacimiento (meanPESO) en kgs, valores genéticos directos (meanBVa) y maternos (meanBVm) por año.	80

I. INTRODUCCIÓN

El estudio de la estructura genética de las poblaciones y su evolución a través de las generaciones, es la base para el establecimiento y desarrollo de programas de selección o de conservación (Domínguez *et al.*, 2010)

Las poblaciones de animales, ya sean salvajes o domésticos, con un número reducido de integrantes, deben ser manejadas con sumo cuidado desde el punto de vista genético para evitar los problemas inherentes a la deriva, tales como la pérdida de variabilidad genética y el aumento de la consanguinidad. Ambos procesos pueden conducir a la falta de adaptación de la población, la caída en eficacia biológica y, en último término, la extinción de la población.

En el Perú los estudios sobre estructura genética mediante el análisis genealógico son escasos en poblaciones animales, especialmente en alpacas y particularmente en el Banco de Germoplasma de Quimsachata, que es considerado uno de los más grandes centros de conservación *in situ* de alpacas de color en el mundo.

En ese sentido los objetivos del presente trabajo fueron: a) Analizar la estructura genética de la población de alpacas mediante análisis genealógico y b) Determinar la tendencia genética para peso vivo al nacimiento de dicha población.

II. REVISIÓN DE LITERATURA

2.1 LA ALPACA

La alpaca (*Vicugna pacos*) es el más importante, de los camélidos sudamericanos, productor de fibra (León-Velarde y Guerrero, 2001). En función a este atributo habría sido domesticada hace más de 6 000 años (Wheeler *et al.*, 2004) y seleccionada para producción de fibra desde hace más de 3 000 años (Wang *et al.*, 2003). Para la industria textil es una fibra especial y las prendas que se confeccionan con ellas, están clasificadas como artículos de lujo (Wang *et al.*, 2003). Su población mundial se estima en 3.7 millones (FAO, 2005), encontrándose el 80 % de ellas en zonas altoandinas de Perú, de los que alrededor del 86 % son de color blanco (Brenes *et al.*, 2001), y el remanente en Bolivia y Chile, aunque se han introducido con éxito en Australia, Canadá, Inglaterra, Francia, Nueva Zelanda y Estados Unidos (Lupton *et al.*, 2006), así mismo Italia, Alemania y España poseen una reducida población.

2.1.1 COLOR

El color de capa es un importante criterio de selección para los criadores de alpacas. Este se debe a la interacción entre pigmentos claros y oscuros (melaninas) producidos por los melanocitos localizados en la papila folicular. Los melanocitos principalmente sintetizan un pigmento marrón-negro y otro amarillo-rojo, llamados eumelanina y feomelanina, respectivamente. Los pigmentos se almacenan en gránulos claramente diferenciados (melanosomas), que muestran características morfológicas dependientes, principalmente, del tipo de pigmento y de la etapa de maduración, pero también de la especie animal de la que se trate. En la alpaca los gránulos de pigmento se ubican en la cutícula, corteza y médula de la fibra; siendo comunes en la corteza donde se aprecian a través de cortes transversales.

La lista de variación de la distribución de colores en los animales incluye seis patrones de pigmentos (silvestre, rojo, beige con extremidades oscuras, panza negra, negro y fuego, y

no agouti), dos tipos eumelánicos (blanco y café), tres alteraciones (blanco entero, gris y dilución) y algunos patrones posibles de manchas blancas (Lauvergne *et al.*, 1995). Un esquema de clasificación fue recientemente definido por el Comité Internacional de Registro de Animal (ICAR) (Renieri *et al.*, 2004). Frente a la dominancia de colores para algunos el color blanco es dominante (Bustinza, 1968) y para otros es recesivo (Gandarillas, 1971). El negro puede ser dominante o recesivo del café (Gandarillas, 1971, Velasco *et al.* 1978a). Finalmente, el manchado parece recesivo al color solido (Velasco *et al.*, 1978b).

Bustinza *et al.* (1985) determinaron que la proporción de alpacas de color en las comunidades campesinas del departamento de Puno, llegó a ser solamente una tercera parte de la población, encontrándose como colores básicos: blanco, LF, color vicuña, café y negro. Reportes más recientes indican que alrededor del 80% de la fibra de alpaca comercializada es de color blanco (Quispe *et al.*, 2009), alcanzando en algunas localidades del departamento de Moquegua un 82.06 % (Mamani *et al.*, 2011). En otro estudio en la provincia de Lampa del departamento de Puno, de 46 986 alpacas evaluadas el 85.41 % fueron de color entero, el 88.71 % de ellas eran de vellón blanco (Gallegos *et al.*, 2011).

Es posible encontrar más de 23 tonalidades de colores, que van desde blanco, crema, café, negro, negro, marrón, gris, api y sus diversas tonalidades (FAO, 2005; Oria *et al.*, 2009; Morante *et al.*, 2009).

2.1.2 PESO VIVO AL NACIMIENTO

El peso vivo al nacimiento está relacionado con la sobrevivencia de los animales. (Echternkamp y Gregory, 1999; Maxa *et al.*, 2009; Alexander, 1964).

En las alpacas, constituye un aspecto importante en la viabilidad de las crías, permitiéndole soportar las adversas condiciones climáticas de la época de parición hasta que ingiera oportunamente el calostro. La sobrevivencia tiende a ser menor en las crías de bajo peso (Garmendia *et al.*, 1987). El peso corporal al nacimiento es diferente en crías muertas frente a las que sobreviven en la primera semana de vida (Bravo *et al.*, 2009). Las crías pequeñas tienen dificultades para ponerse de pie y mamar para obtener el calostro y si la madre no ofrece suficientes cantidades pueden presentarse problemas de salud más adelante. También pueden presentarse muertes por hipotermia en los primeros días de vida (Garnica *et*

al., 1992). Lo que se agudiza por tener menores concentraciones de glucosa en comparación a las crías más pesadas (Quisocala, 1991).

El promedio de peso vivo al nacimiento en alpacas es de 6.3 ± 0.99 y 6.4 ± 1.03 kg, para hembras y machos respectivamente. No existiendo diferencia estadística significativa entre promedios de ambos sexos ($P \geq 0.05$) (Huanca, 2007).

En cuanto a los estimados de heredabilidad para el peso vivo al nacimiento, se han reportado valores bastante diferentes de 0.18 ± 0.10 a 0.53 ± 0.11 , empleando estimaciones desde la regresión cría madre hasta modelos mixtos, y el modelo animal en el caso de Wuliji *et al.* (2000); con diferente número de datos, diferentes poblaciones y distintas localidades (Cuadro 1), siendo evidentemente más confiables los que aplican los modelos mixtos y animal con importante número de datos.

Cuadro 1: Estimaciones de heredabilidad y error estándar para peso vivo al nacimiento en alpacas.

Heredabilidad	Error Estándar	Autor
0.53	0.11	Bravo y Velasco (1983)
0.34	0.23	Bustinza <i>et al.</i> (1988)
0.32	0.12	Ruiz de Castilla <i>et al.</i> (1992)
0.17	0.16	Mamani (1995)
0.24	0.14	Maquera (1996)
0.63	0.16	Wuliji <i>et al.</i> (2000)
0.18	0.10	Trillo (2012)

FUENTE. Elaboración propia.

2.2 BANCO DE GERMOPLASMA

El aprovechamiento de la biodiversidad contribuye a la productividad, sostenibilidad y estabilidad de los sistemas agrícolas independientemente del nivel de complejidad de estos (Kressler, 2008), siendo una preocupación mundial su pérdida acelerada en los últimos tiempos y la predicción acerca de una extinción importante de especies hacia el año 2050 como secuelas de los cambios en el uso de la tierra (Jenkins, 2003 y Thomas *et al.*, 2004)

La conservación de recursos genéticos involucra estrategias, planes, políticas y acciones emprendidas a nivel mundial para garantizar que se mantenga la diversidad de

recursos zoogenéticos, para contribuir a la producción agrícola y de alimentos, a la productividad además de mantener otros valores vinculados a dichos recursos (ecológico-culturales) para el beneficio actual y futuro; además la diversidad genética contribuye a la capacidad de las comunidades ecológicas para resistir o recuperarse de los disturbios o cambios ambientales, incluyendo cambios climáticos relativamente largos, es la base fundamental de la evolución, la adaptación de las poblaciones silvestres a las condiciones locales del medio ambiente, el desarrollo de la especie animal y de las variedades de especies, las que han producido significativos beneficios para la humanidad (FAO, 2002).

De manera general, deben ser considerados como los bienes más valiosos y estratégicamente más importantes que posee un país. Muchos países cuentan con especies y razas autóctonas de animales que podrían contribuir a la producción alimentaria y agrícola de manera más relevante que en la actualidad y satisfacer necesidades humanas mucho más amplias.

Hay dos formas de conservar los recursos genéticos de la agrobiodiversidad, *in situ* y *ex situ*, las cuales no son excluyentes, pudiéndose desarrollar una estrategia complementaria entre ambas. En el campo animal se precisan como:

Conservación *in situ*, el uso continuo en sistemas productivos gestionados por los ganaderos en entornos en los que ha evolucionado la raza o en los que ahora se encuentra y se reproduce.

Conservación *ex situ in vivo*, el mantenimiento de poblaciones de animales vivos que no se hallan en condiciones normales de manejo (por ejemplo, parques zoológicos y en algunos casos de granjas de gobierno) y/o fuera del área en la que evolucionaron o donde se halla establecida la población mayoritaria. No suele haber una frontera clara entre la conservación *in situ* y *ex situ in vivo*, debiéndose describir en detalle los objetivos de la conservación y la naturaleza de la misma para cada caso.

Conservación *in vitro*, conservación de partes del animal que contienen material genético, en un entorno artificial, generalmente de naturaleza reproductiva como la crío preservación de embriones, semen, ovocitos, células somáticas o tejidos que poseen potencial de reconstruir animales vivos (incluyendo animales para introgresión génica y razas sintéticas) en una fecha posterior (Chávez, 2013).

La variabilidad genética entre razas debería conservarse por varios motivos (Oldenbronck, 1998):

- Genético-productivo: para mantener la variabilidad de las poblaciones, la cual permite su adaptación a diferentes ambientes;
- Productivo: para suplir futuras demandas del mercado, hacer frente a posibles cambios en las circunstancias productivas o para el tratamiento de nuevas enfermedades;
- Científico: el estudio de cada raza en particular con fines de investigación, de genes únicos, proporciona un excelente material de investigación;
- Histórico - cultural: la diversidad biológica representa uno de los aspectos del patrimonio de un país o como historia paralela al desarrollo de la población humana.
- Ecológico - ambiental: los ecosistemas son el resultado del equilibrio entre clima, flora y fauna, y cualquier factor que afecte alguno de estos componentes estaría atentando contra su sostenibilidad.

2.2.1 BANCO DE GERMOPLASMA DE QUIMSACHATA

En 1985 el entonces Instituto de Investigación y Promoción Agraria - INIPA, creó el Programa Nacional de Camélidos Domésticos Andinos para generar tecnología y apoyar la promoción de su crianza; para ello, recibió como transferencia el predio Quimsachata donde estableció un núcleo inicial de alpacas y llamas. Posteriormente, en 1987, con el apoyo técnico, financiero del Proyecto Alpacas (PAL), Convenio de Cooperación Técnica del Gobierno Suizo COTESU INIA; se estableció en Quimsachata, un Banco de Germoplasma de Alpacas y Llamas, orientado inicialmente a la recuperación de alpacas de color de raza Suri y Huacaya y llamas en sus dos tipos, a partir de dicha fecha se viene estabilizando el capital pecuario; asimismo generando reproductores para orientarlos al mercado de comunidades vecinas. A partir de 1993, el Programa Nacional de Investigación de Camélidos Domésticos Andinos, pasó a constituirse en órgano de acción del actual Instituto Nacional de Innovación Agraria (INIA), como Programa Nacional de Investigación en Camélidos (Huanca *et al.*, 2007).



Figura 1: Panel de identificación del Banco de Germoplasma de Quimsachata.

Una de las razones de su creación fue la preocupación por el progresivo blanqueo de los rebaños de alpacas, en poder de las comunidades campesinas, pequeños, medianos y grandes criadores, considerando los siguientes objetivos:

- Recuperar la variabilidad de las alpacas de color;
- Disponer de la variabilidad de colores que presentan las alpacas, de acuerdo a las tonalidades identificadas por la industria;
- Contar con un sistema de empadre para el manejo de animales de color;
- Recuperar alpacas de colores raros o muy escasos en el país;
- Determinar la herencia de colores;
- Constituir un centro de producción de reproductores de alpacas de color.

Desde 1983 hasta la fecha Quimsachata adquirió vientres y reproductores de color para constituir el capital pecuario y finalmente hasta la fecha viene consolidando el Banco de Germoplasma de alpacas de color (Huanca *et al.*, 2007).



Figura 2: Alpacas de color en el Centro del Banco de Germoplasma de Quimsachata.

2.3 ESTRUCTURA GENÉTICA DE LA POBLACIÓN

El estudio de la estructura genética de una población permite conocer cómo se ha llevado a cabo el flujo de genes de la misma, proporcionando información sobre el número de genes que la ha originado y estimando en qué medida participan en la población actual. Este conocimiento proporciona información sobre su grado de variabilidad genética y permite tomar decisiones en relación a su gestión genética (Cervantes, 2008).

Si bien actualmente las técnicas de genética molecular son muy útiles para el estudio de poblaciones animales domésticas (Carneiro *et al.*, 2007). La información de pedigrí continúa siendo muy importante para caracterizarlas genéticamente en términos de su tamaño efectivo, la diversidad genética y otros parámetros poblacionales importantes (Cleveland *et al.*, 2005). Además el registro de pedigrí tiene la ventaja de ser de bajo costo y simple de obtener en comparación con el uso de los marcadores moleculares.

Entre los parámetros empleados para caracterizar la estructura genética de una población se pueden identificar:

- Grado de profundidad de pedigrí;
- Intervalo generacional;
- Coeficiente de consanguinidad;

- Tamaño efectivo de la población;
- Probabilidad de origen de los genes;
 - Número efectivo de fundadores;
 - Número efectivo de ancestros;
 - Número efectivo de genomas fundadores;
- Estadísticos de Wright.

2.3.1 GRADO DE PROFUNDIDAD DE PEDIGRÍ

Tomando en cuenta que las pérdidas de variabilidad genética se acumulan a través de generaciones, los parámetros genealógicos que la miden deben ser siempre referidos a la cantidad de información genealógica existente, por lo cual la medida del grado de profundidad de pedigrí resulta imprescindible (Boichard *et al.*, 1997 y Gutiérrez *et al.*, 2003). La existencia de solapamiento generacional y el desigual conocimiento de la fuente paterna y materna, imposibilita generalmente la asignación de individuos a generaciones discretas; como **generaciones completas**, cuando un individuo pertenece a la generación g si se conocen sus 2^g antepasados; o, **generaciones máximas**, cuando un individuo pertenece a una generación g , cuando g es el número de generaciones que separan al individuo de su antecesor más lejano.

Una forma de afrontar esta dificultad es utilizar el número de **generaciones completas equivalentes**, que se obtiene como la suma para todos los antepasados conocidos $(\frac{1}{2})^n$, siendo n el número de generaciones que separan al individuo de cada antepasado (Maignel *et al.*, 1996).

2.3.2 INTERVALO GENERACIONAL

El intervalo generacional puede ser definido como la media de la edad de los padres al procrear hijos que luego serán padres de al menos un descendiente (Falconer y Mackay, 1996). Este parámetro determina el tiempo medio en que son transmitidos los genes de padres a hijos; Es uno de los factores principales en el cálculo del progreso genético y de la estructura genética de la población.

El estudio del intervalo de generación en el análisis de la estructura genética de poblaciones es, en sí mismo, importante ya que las pérdidas de variabilidad genética se producen a través de generaciones. Así, si los intervalos generacionales son cortos las pérdidas

de variabilidad genética se producen a mayor velocidad por unidad de tiempo. Además permite traducir los incrementos de otros parámetros en el tiempo en función de generaciones (Cervantes *et al.*, 2010)

2.3.3 COEFICIENTE DE CONSANGUINIDAD

El coeficiente de consanguinidad (F) se define como la probabilidad de que los dos alelos que lleva un individuo en cualquier locus sean idénticos por descendencia. También es conocido como coeficiente de endogamia o identidad por descendencia de un individuo (Wright, 1922; Malécot, 1948; Cleveland *et al.*, 2005; Carrillo y Siewerdt, 2010). La consanguinidad es consecuencia del apareamiento de individuos que son parientes, los cuales tienen por lo menos un antepasado común (Falconer y Mackay, 1996). Siendo capaz de alterar las frecuencias genotípicas de una población sin alterar sus frecuencias génicas.

Es probablemente el parámetro más importante en el análisis de la estructura genética ya que mide la probabilidad de homocigosis en una genealogía, y es precisamente la homocigosis la causante de la depresión consanguínea y de la manifestación de genes deletéreos (Cervantes, 2008). Afectando en mayor grado los caracteres productivos que los morfológicos o cualitativos. La depresión endogámica fue descrita por Dickerson (1963) y se caracteriza por la disminución, en la relación media, del desempeño productivo y/o reproductivo (desempeño fenotípico) de los animales provenientes de apareamientos entre parientes (Mc Parland *et al.*, 2008). En general, la depresión aparte de producir la aparición de efectos deletéreos en la población y una disminución del rendimiento de los caracteres afecta significativamente la acción no aditiva de los genes, es decir de los caracteres de baja heredabilidad (Ollivier, 1981) cuya expresión depende significativamente de efectos de dominancia y de interacción genética, generalmente relacionados con la reproducción (Wright, 1977 y Pirchner, 1985).

El valor de F, por sí solo no es suficiente para entender el comportamiento de la consanguinidad en la población. El "incremento de la consanguinidad" (ΔF), que mide cuanto varía el coeficiente de consanguinidad de una generación a otra subsiguiente, hace posible comparar los efectos de la consanguinidad bajo diferentes sistemas de apareamiento (Falconer y Mackay, 1996). Además, el aumento de la consanguinidad es la clave para establecer una relación entre la población bajo estudio con una población ideal. Por lo referido el manejo

genético del ganado doméstico se centra en la actualidad en no alcanzar niveles de consanguinidad que podría conducir a una reducción en su rendimiento o una amenaza para su sustentabilidad de programas de selección aplicados. Para el cálculo del coeficiente de consanguinidad existen muchas formas (método de flechas, de las vías, tabular entre otros). En la mayoría de los casos es necesario el uso del registro genealógico o pedigrí, para obtener valores estimados de covariancias que permitan estimar sus valores en la generación subsiguiente. Es de resaltar que los métodos serán efectivos cuanto más información contenga el pedigrí. Es decir, si se cuenta con información de pedigrí de tres generaciones quizá obtengamos valores de cero, pero si incorporamos información de tres generaciones anteriores más, se podría recién detectar y cuantificar valores de consanguinidad mayores al 1%. Esto quiere decir, que es importante el uso de buena cantidad de información para detectar y cuantificar a un nivel confiable.

La consanguinidad en camélidos sudamericanos ha sido muy poco estudiada, Schmidt (2006), evaluó una población de vicuñas en el marco del Programa Europeo de Especies en Peligro de Extinción, encontrando una consanguinidad individual por encima de 0.4374, observado que los animales consanguíneos mostraron un bajo rendimiento reproductivo y mayor mortalidad. Por otra parte no existen reportes al respecto en guanacos, alpacas y llamas.

Wurzinger *et al.* (2008) y Gizaw *et al.* (2010) al proponer diversos escenarios de esquemas de selección en llamas y ovinos respectivamente, logran predecir cambios en consanguinidad en rangos de 0.08 a 0.32 % y de 0.004 a 0.02 % por generación, respectivamente. Ambos grupos de investigación concuerdan en indicar que mayores cambios se dan en escenarios con alta presión de selección y bajo modelos de evaluación más precisos como el BLUP (Best Linear Unbiased Prediction, o Mejor Predictor Lineal Inesgado). Resulta importante mencionar que los riesgos de la depresión productiva- reproductiva por consanguinidad son más altos en pequeños rebaños, característicos de sistemas de escasos recursos; sin embargo esto se puede sobrellevar utilizando un esquema con machos de referencia, tal como refieren Lewis y Simm (2000), quienes encuentran, en ovinos bajo dicho esquema durante una evaluación de 15 años de selección, una tasa de 0.3/año (menos de 1 % por generación)

Quispe (2010), al plantear tres escenarios de esquema de cría para una población de 250 000 alpacas de la región Huancavelica: i) con núcleo de reproductores (1 macho / 33 hembras, 1 macho / 45 hembras y 1 macho / 100 hembras); ii) selección mixta, comunal (intra e inter-rebaños), con núcleo de reproductores; y, iii) selección comunal dispersa (4 % de machos por rebaño) y selección comunal (3.38 % de machos). Estimó que los incrementos de consanguinidad que se alcanzarían serían de hasta 0.89%, 0.06% y 0.06% para tales esquemas respectivamente. La más alta tasa de consanguinidad se dio en el esquema que considera una mayor cantidad de hembras por macho (un macho por 100 hembras mediante inseminación artificial) llegando cerca al 1 %, a pesar de obtener con dicho esquema mejores progresos genéticos; recomendándose controlar este incremento mediante la renovación de machos, provenientes de otras poblaciones alpaqueras existentes en el país.

2.3.4 TAMAÑO EFECTIVO DE LA POBLACIÓN

El tamaño efectivo de la población (N_e) es un parámetro esencial en el estudio de las teorías evolutivas, la genética de poblaciones y la genética cuantitativa. El N_e es definido como el número de reproductores que podrían generar la misma tasa de consanguinidad (censo efectivo de consanguinidad) o la misma tasa de cambio en la varianza génica (censo efectivo de varianzas) como la observada en una población ideal. (Kimura y Crow, 1963; Caballero, 1994 y Falconer y Mackay, 1996). Así el tamaño efectivo de consanguinidad mide la tasa de aumento en consanguinidad (ΔF) mientras que el tamaño efectivo de varianza mide la tasa de aumento en parentesco (Δf). En una población con apareamiento aleatorio los coeficientes de consanguinidad (F) y de parentesco (f) aumentan con el transcurso de las generaciones (t) de forma que $f_t = F_{t+1}$ (Toro *et al.*, 2008).

Según Wright (1931) una población ideal debe tener: i) un tamaño infinito, con apareamientos aleatorios y un número constante de reproductores por generación; ii) todos los individuos sobreviven desde el nacimiento hasta la edad adulta, iii) ambas muestras de gametos (ovulo y espermatozoide) y su unión son al azar, con la excepción de que todos los individuos tienen las mismas oportunidades para la producción de progenies; iv) los cambios sistemáticos en las frecuencias alélicas se excluyen y las generaciones no se superponen.

El N_e no sólo es un parámetro útil para predecir la consanguinidad, también es una herramienta para analizar genealogías (Caballero y Toro, 2000). Además por medio del N_e se

tiene una mayor comprensión de los efectos de la variación en el número de machos, de hembras y del tamaño de la familia sobre la deriva génica y sobre la consanguinidad (Valera *et al.*, 1999).

Las poblaciones de menor N_e representan los mayores coeficientes medios de consanguinidad en razón de la mayor probabilidad de apareamiento entre individuos emparentados, una mayor fijación de alelos y la mayor reducción del límite de selección (Breda *et al.*, 2004). Poblaciones con mayor N_e poseen mayor diversidad genética y consecuentemente mayor probabilidad de encontrar genes raros y de baja frecuencia.

El tamaño efectivo de la población (N_e) es considerado como el parámetro de referencia en el mundo de la conservación, hasta el punto que sirve de referencia en organismos internacionales como la FAO para decidir qué poblaciones se encuentran en “peligro de extinción”, “en desarrollo” o deben ser consideradas “razas de fomento” (Cervantes, 2008). Además la deriva genética puede ser medida, al menos en poblaciones no estructuradas mediante el N_e (Caballero, 1994); siendo importante mencionar que la variabilidad genética por generación es inversamente proporcional al tamaño efectivo de la población (Wright, 1931).

Leroy *et al.*, (2012), resume los métodos para determinar el N_e como los siguientes:

a. Proporción de machos y hembras.

Propuesto por Wright (1931) la estimación del N_e se basa en la proporción de sexos. Este simple método supone el aumento de los efectos tanto de la consanguinidad y la variación del tamaño de la progenie bajo varios supuestos; entre ellos, el apareamiento al azar, o hay selección, y la variación aleatoria de la progenie a través de los padres. Para el cálculo de N_e sólo requiere el número estimado de reproductores machos (M) y hembras (F) en la población de referencia a través de la siguiente ecuación (1):

$$N_e = \frac{4MF}{M+F} \quad (1)$$

b. Varianza del tamaño de la progenie.

Toma en cuenta la varianza observada en el tamaño de la progenie (Hill, 1972). En cada vía (mm = padre-padre, mf = padre-madre, fm = madre-padre, o ff =madre-madre), la

varianza observada (σ^2) y la covarianza (σ) del tamaño de la progenie son calculados considerando esos individuos y sus propios padres (es decir los abuelos de la población de referencia). El N_e se calcula aplicando la ecuación (2) donde M_r y F_r son el número de nuevos padres y madres respectivamente, que empiezan a reproducirse cada año, como promedio durante los 10 años anteriores al año de referencia.

$$\frac{1}{N_e} = \frac{1}{16M_r T} \left[2 + \sigma_{mm}^2 + 2 \frac{M_r}{F_r} \sigma_{mm,mf} + \left(\frac{M_r}{F_r} \right)^2 \sigma_{mf}^2 \right] + \frac{1}{16F_r T} \left[2 + \sigma_{ff}^2 + 2 \frac{F_r}{M_r} \sigma_{fm,ff} + \left(\frac{F_r}{M_r} \right)^2 \sigma_{fm}^2 \right] \quad (2)$$

c. Cambio de la consanguinidad (ΔF) en dos generaciones sucesivas.

Considerando dos sucesivas generaciones t y $t-1$, la tasa de cambio de la consanguinidad (ΔF) puede ser calculada usando la ecuación (3) de acuerdo a Falconer y Mackay (1996), donde F_{t+1} es el promedio del coeficiente de consanguinidad de la población de referencia, y F_t es el promedio del coeficiente de consanguinidad de sus padres.

$$\Delta F_t = \frac{F_{t+1} - F_t}{1 - F_t} \quad (3)$$

El tamaño efectivo de la población puede ser calculado usando la siguiente formula:

$$N_e = 1/2 \Delta F_t$$

d. Tasa de cambio de la coascendencia entre dos generaciones sucesivas.

Toma en consideración el promedio del coeficiente de coascendencia (C). Es similar al modelo anterior, donde C_{t+1} es el promedio del coeficiente de coascendencia entre los animales en la población de referencia, y C_t el promedio del coeficiente de coascendencia entre los padres de la población de referencia, en lugar de F_{t+1} y F_t . Dado el número de coeficientes de coascendencia, que se calculan dentro de la población de tamaño n , es igual a $n(n-1)/2$, el cálculo del promedio de coascendencia puede implicar mucho tiempo en grandes poblaciones. Por lo tanto, cuando $n(n-1)/2$ es mayor que 100 000, se muestrean al azar 100 000 pares de individuos, estimando C como el valor medio de los 100 000 coeficientes calculado.

e. Cambio individual de consanguinidad.

Gutiérrez *et al.* (2009), propusieron un método en que el nivel de conocimiento de pedigrí de un individuo dado i se estima por el número de generaciones equivalentes trazadas (E_qG_i), calculado como la suma de todos los ancestros conocidos de los términos $(1/2g)$, donde g es el número de generación del ancestro, que es igual a uno de los padres, dos para los abuelos, así sucesivamente. La tasa de cambio de la consanguinidad individual (ΔF) es calculada de acuerdo a la ecuación (4), en que F_i es el coeficiente de consanguinidad del individuo i :

$$\Delta F_i = 1 - \sqrt[E_qG_i - 1]{(1 - F_i)} \quad (4)$$

Las tasas de consanguinidad son promediadas como $\overline{\Delta F}$ que conduce al siguiente estimado de N_e :

$$N_e = 1/2\overline{\Delta F} \quad (5)$$

Mientras el error estándar puede ser aproximado como:

$$\sigma_{N_e F_i} = \frac{2}{\sqrt{n}} N_e F_i^2 \sigma_{\Delta F_i} \quad (6)$$

Donde n como el tamaño de la población de referencia y $\sigma_{\Delta F_i}$ la desviación estándar de ΔF_i .

f. Cambio de la coascendencia.

Cervantes *et al.* (2011), propuso la aproximación de la tasa de cambio de la coascendencia ΔC_{ij} entre dos individuos i y j usando la ecuación (7) en que E_qG_i y E_qG_j son sus respectivas generaciones equivalentes trazadas, y C_{ij} su coeficiente de coascendencia:

$$\Delta C_{ij} = 1 - \sqrt[(E_qG_i + E_qG_j) / 2]{(1 - C_{ij})} \quad (7)$$

Donde necesariamente, la coascendencia sobre 100 000 pares de muestras individuales son promediadas, mientras el error estándar de N_e es aproximado como:

$$\sigma_{N_e C_i} = \frac{2}{\sqrt{k}} N_e C_i^2 \sigma_{\Delta C_{ij}} \quad (8)$$

Donde k es el número de coeficientes calculados (su $n(n-1)/2$ o 100 000) y $\sigma_{\Delta Cij}$ es la desviación estándar de ΔCij .

2.3.5 PROBABILIDAD DE ORIGEN DE LOS GENES

Todos los genes presentes en una población proceden de alguno de sus fundadores, pero la representación de cada uno de ellos, en los individuos tomados como referencia es muy variable dependiendo del uso preferente o no que se haga de cada uno de los individuos reproductores. Así, la probabilidad de origen de los genes proporciona información de gran valor para conocer el flujo de genes y, en consecuencia, la estructura genética de la población.

Así, para medir la variabilidad genética y conocer las consecuencias de la política de apareamientos llevada a cabo en una población, la información más interesante procede del análisis de la contribución genética de los animales fundadores y ancestros.

Entendiendo como **fundador** al individuo cuyo padre y madre son desconocidos y cuando tiene un único parental desconocido, se le considera fundador fantasma; y como **ancestro** al individuo que ha influido más que sus ascendientes en la variabilidad genética presente en la población. Un ancestro puede ser también fundador. Basándose en la desigual probabilidad de origen de los genes por fundadores o ancestros se definen tres parámetros relacionados, el tamaño efectivo de fundadores, el tamaño efectivo de ancestros y el número efectivo de genomas fundadores. El primero nunca puede ser inferior al segundo ni éste al tercero (Cervantes, 2008).

a. Número Efectivo de Fundadores

Definido como el número de fundadores que, contribuyendo en igual medida, producirían la diversidad genética existente en una población. Este parámetro se calcula como

$$N_f = \frac{1}{\sum_{k=1}^f q_k^2}$$

Donde, q_k es la contribución genética del fundador i a la población (James, 1972).

b. Número Efectivo de Ancestros

Definido como el número de ancestros, fundadores o no, necesarios para explicar la variabilidad genética total de la población. Este parámetro es complementario al anterior ya

que tiene en cuenta los posibles cuellos de botella que haya experimentado la población estudiada, y recoge la variabilidad genética aportada por un animal no explicada por la contribución de alguno de sus hijos (Boichard *et al.*, 1997).

De los conceptos antes referidos se derivan estos como los de **población base**, que es la población fundadora conformada por los individuos sin padres conocidos o al menos un padre desconocido; y **población de referencia**, conformada por los individuos con padre y madre conocidos.

2.3.6 ESTADÍSTICOS DE WRIGHT

Mediante los parámetros, FIT, FST y FIS, denominados como estadísticos de Wright, se puede estudiar la estructura poblacional (Wright, 1978), suponiendo la existencia de una metapoblación, constituida por varias subpoblaciones, que pueden ser definidas en función de distintos sexos, áreas, ganaderías, entre otros, pudiéndose explicar en términos de heterosis y de consanguinidad:

FST: Es el coeficiente de consanguinidad medio (reducción de la heterosis) de las subpoblaciones respecto de la metapoblación. El valor FST se utiliza como distancia entre las diferentes subpoblaciones, su valor está entre 0 y 1 y cuanto más alto es, mayor la diferenciación genética hay entre estas.

FIS: Es el coeficiente de consanguinidad medio (reducción de la heterosis) de un individuo respecto a su subpoblación. El estadístico FIS expresa la presencia de apareamiento no aleatorio dentro de la subpoblación. Cuando $FIS > 0$, se están produciendo apareamientos entre individuos relacionados. Cuando $FIS < 0$, la frecuencia de apareamientos entre individuos no relacionados es mayor (se produce un exceso de heterocigotos).

FIT: Es el coeficiente de consanguinidad medio (reducción de la heterosis) de individuo respecto de la metapoblación.

2.4 EVALUACIÓN GENÉTICA

Es el proceso mediante el cual se predice el valor genético (valor de cría, mérito genético, o “breeding value” en inglés) de los animales, como desviaciones de la población en relación con una o más características de importancia. El valor genético puede ser aditivo o no

aditivo. Por lo general, el objetivo de las evaluaciones genéticas consiste en obtener el valor genético aditivo de los individuos, la mitad del cual es la diferencia que se espera tendrán sus hijos en promedio respecto a la población evaluada, y se denomina Diferencia Esperada de Progenie (DEP) o Habilidad Predicha de Transmisión (HPT) (Elzo y Vergara, 2012 y Quispe y Alfonso, 2007). Generalmente, la idea de valor genético se refiere al potencial genético que posee cada individuo como resultado del efecto aditivo de sus genes (Bourdon, 1997).

Para realizar las evaluaciones genéticas se requiere: i) obtener información productiva y genealógica de los individuos a evaluar; ii) establecer un modelo estadístico para determinar la variabilidad genética en la población y verificar la existencia de fuentes de variación que afectan la característica a evaluar; iii) tener mucha paciencia y lógica para acercarse a un modelo que explique el fenómeno biológico estudiado de manera apropiada, y iv) disponer de herramientas computacionales para calcular las predicciones de los valores genéticos de los animales y su respectiva exactitud.

Lo que se busca con los modelos estadísticos de evaluación genética es explicar la variabilidad de los registros productivos en términos de factores ambientales no controlados (de carácter fijo), factores aleatorios genéticos y factores aleatorios ambientales que influyen en la expresión de una característica. Sin embargo, en los modelos estadísticos de evaluación siempre habrá una porción aleatoria (por ejemplo, los efectos ambientales) que no será posible identificar, denominada residuo. Entre los factores no controlados o factores ambientales del entorno más comunes, que intervienen en la expresión de los caracteres, se tienen: sexo, época del año, edad y número de parto de la madre y la edad del individuo al momento en que se realizó la medición. Para el caso de los efectos aleatorios, son muy importantes el efecto genético aditivo directo y el materno para aquellas características influenciadas por la habilidad propia del individuo y la de su madre.

Los efectos microambientales pueden causar pequeñas variaciones en la estimación de los valores genéticos y son muy difíciles de controlar, como es el caso de la cantidad de alimento consumido antes del control del pesaje, el orden de pesaje de los individuos, la mala calibración de la báscula, los errores de lectura de la báscula, el manejo de los individuos al momento del pesaje, las condiciones ambientales antes del pesaje, las inexactitudes en las anotaciones de los pesajes, entre otros.

En características medidas desde el nacimiento hasta el destete se tendrán DEP directas (la habilidad que tendrán los hijos de un reproductor para desarrollarse y ganar peso, comparada con la media de la población para esa característica) y DEP maternas (la habilidad que tendrán las hijas de un reproductor para cuidar a sus crías, comparada con la media de la población para esa característica) (Elzo y Vergara, 2012).

2.4.1 ESTIMACIÓN DE COMPONENTES DE VARIANZA

La variación es la fuente de cambio genético. Si hay poca variación en una característica, la selección podría ser lenta, porque ningún animal es suficientemente superior a otro. La cantidad de variación es medida y expresada como la varianza. La varianza total es la varianza fenotípica, que es la suma de la varianza genotípica y la varianza ambiental. La varianza genotípica a su vez puede ser dividida en varianza aditiva, varianza de la dominancia, varianza de la epistasia. La varianza aditiva es la principal causa de parecido entre parientes y por lo tanto el principal factor determinante de las propiedades genéticas observables de la población y de la respuesta de la población a la selección. Es también conocido como varianza genética directa.

Los componentes de varianza y covarianza son parámetros poblacionales esenciales, tanto para la investigación, como para la práctica de mejoramiento genético animal, dado que posibilitan la estimación de parámetros asociados a esta (coeficientes de heredabilidad y correlaciones) y la predicción de los méritos genéticos de los animales (Silva, 2009). Estos parámetros son inherentes a determinadas poblaciones y pueden cambiar con el tiempo, debido a cambios en su estructura genética o decisiones de manejo (Koots *et al.*, 1994)

La estimación de los componentes de varianza y covarianza, dependen en gran medida del buen balance de datos de la población, del nivel de conexión entre animales y de la cantidad de información disponible por animal.

a. Método de Máxima Verosimilitud Restringida

El método de máxima verosimilitud restringida (REML) es un método clásico de estimación de parámetros asociados a funciones de densidad o probabilidad de variables aleatorias. La verosimilitud asociada a una muestra de variables aleatorias es la función de

densidad conjunta de estas variables para los valores observados, considerada como una función de los parámetros que la definen.

La estimación de componentes de varianza mediante REML, requiere de procedimientos que permitan encontrar el punto óptimo de una función conforme a la cantidad de datos requeridos de la derivada de dicha función. Según Meyer (1998), existen básicamente tres grupos de métodos para conseguir este propósito: i) los que utilizan la primera y segunda derivada, ii) los que utilizan sólo la primera derivada; y por último iii) los libres de derivadas. El algoritmo libre de derivadas fue sugerido para el análisis univariado, destinado a la estimación de componentes de varianza de los efectos genéticos aditivos y del error, bajo el modelo animal.

Meyer (1993) y Boldman *et al.* (1993), extendieron este método para análisis multivariados, bajo modelo animal, con dos o más efectos aleatorios además del error. El uso del método libre de derivadas se dedujo a partir de la simplificación del logaritmo de la verosimilitud restringida, a la distribución normal, presentado por Searle y Harville.

Graser *et al.* (1987) utilizaron la eliminación de Gauss y adoptaron un procedimiento de estima directa, por aproximación cuadrática de la verosimilitud. Meyer (1998) dedujo el mismo procedimiento para el caso de la búsqueda unidimensional del máximo verosímil y para análisis multivariados adoptó la eliminación de Gauss, para una búsqueda secuencial o lineal del máximo de la función de verosimilitud restringida; mientras que Boldam *et al.* (1993), utilizaron la descomposición de Choleski o método simplex en la búsqueda de la función del máximo verosímil.

Carabaño (1995) resume el fundamento de la estimación de los componentes de varianza vía REML como parámetros desconocidos a partir de una base de datos proveniente, no necesariamente, de un diseño experimental, sino de datos de rendimiento de campo o controles de dichos rendimientos, siendo necesario y fundamental el asignar un valor a la varianzas y covarianzas que se requieren para predecir el valor genético de la siguiente manera:

En primer, lugar se define el modelo que relaciona las observaciones con los parámetros que se requiere estimar, lo que está condicionado por el tipo de carácter y el tipo

de datos. Los modelos a emplear coincidirán, en general, con los definidos para la valoración genética.

Una vez conocida la base de datos y planteado el modelo adecuado, se necesita encontrar funciones de los datos que proporcionen valores lo más próximos posibles a los valores verdaderos de las varianzas. En términos estadísticos, se trata de buscar estimadores óptimos de las varianzas, entendiéndose por óptimo aquel con mínimo sesgo y mínima varianza. Esta clase de estimadores no existen cuando se analizan diseños desequilibrados, que es el caso general de la mejora genética.

Los estimadores máximo verosímiles son los valores de los parámetros que maximizan la verosimilitud, con la restricción de que los mismos deben estar en el espacio paramétrico o rango de variación natural del parámetro. Aunque la técnica es aplicable a cualquier tipo de distribución, se hace referencia únicamente a la distribución normal, en razón a que se ha comprobado que los caracteres utilizados en mejora genética tienen dicha distribución, siendo esta una de las más estudiadas, lo que facilita el desarrollo de la teoría de estimación e incluso, autores como Harville, señalan que las ecuaciones REML proporcionan estimas de los componentes de varianza aceptables, aun cuando la variable considerada no se normal.

Para el modelo lineal mixto unicarácter, la verosimilitud normal, en forma matricial se define de la siguiente manera:

$$L(\mu, V; y) = \frac{1}{2\pi^{N/2} |V|^{1/2}} \exp\{-1/2(y - \mu)V^{-1}(y - \mu)\}$$

Donde:

$$\mu = Xb$$

$$V = Z'AZ\sigma_a^2 + I\sigma_e^2$$

Las estimas máximo verosímiles de μ , σ_a^2 y σ_e^2 se obtienen al buscar el valor de estos parámetros que maximizan L. En otras palabras, los estimadores máximo verosímiles de μ , σ_a^2 y σ_e^2 son funciones de los datos que se obtienen a partir de las ecuaciones:

$$\frac{\delta L}{\delta \mu} = 0 \quad ; \quad \frac{\delta L}{\delta \sigma_a^2} = 0 \quad ; \quad \frac{\delta L}{\delta \sigma_e^2} = 0$$

La estima de la media $\mu = Xb$ se obtiene a partir de la siguiente expresión:

$$\hat{b} = (XV^{-1}X)^{-1}X'V^{-1}y$$

La anterior ecuación coincide con la solución de las ecuaciones del Best Linear Unbiased Prediction (BLUP) para los efectos fijos, cuando en estas ecuaciones se usarían las estimas máximo verosímiles, en lugar de las verdaderas varianzas.

Los últimos reportes de índices de herencia para la mayoría de características de interés en las alpacas, han sido determinados previa estimación de los componentes de varianza mediante la metodología REML incluidos en programas como VCE y MTDREML. También se han usado metodologías bayesianas para determinar componentes de varianza en características como diámetro de fibra, desviación típica y coeficiente de variación (Cruz, 2011)

2.4.2 MODELOS DE EVALUACIÓN GENÉTICA

El modelo animal es un modelo mixto en el cual el valor aditivo de cada animal es considerado como un efecto aleatorio. Así, la variancia fenotípica puede ser descompuesta en variancia genética aditiva, variancia ambiental (permanente y temporal) y la variancia residual. Además el modelo animal permite el ajuste por efecto de la selección, si la información genealógica de los animales involucrados en este proceso es incorporado en la matriz de numerador del parentesco (Gutiérrez, 2011).

En el modelo animal el valor genético, o merito genético de un individuo, se incluye como una variable explicativa de una característica de interés - u observación fenotípica - la cual es una medida que se toma sobre el animal. En este caso, las observaciones fenotípicas son registros de producción como de leche, grasa, fibra, lana, carne, etc. (Bourdon, 1997).

La predicción de valores de cría, requiere el uso de modelos de análisis genético, es decir funciones matemáticas que relacionan las observaciones con parámetros de localización y efectos aleatorios (modelo mixto). Los efectos aleatorios pueden incluir componentes genéticos, como efecto aditivo (Falconer y Mackay, 1996) desviaciones de dominancia y epistáticas, u otros efectos. Estos efectos, contribuyen a las correlaciones entre parientes o entre registros longitudinales de performance.

Los modelos de análisis genético, además de tener una ecuación, cuentan con otros componentes, como los parámetros de dispersión genética y ambiental, y supuestos sobre la forma de distribución conjunta de las observaciones y de los efectos aleatorios. Uno de los supuestos, es el de normalidad multivariada de las observaciones, debido a que las características se heredan de manera multifactorial, es decir, hay un gran número de genes que actúan de manera aditiva con efectos infinitesimalmente pequeños. Fisher (1918) estableció las bases para el modelo infinitesimal y se ocupó de las consecuencias de la herencia Mendeliana a nivel fenotípico. El modelo que planteo es, observación = valor genético + residual, y obtuvo un precursor del análisis de varianza al proponer una partición de la varianza genética en componentes aditivos y de dominancia, a partir de aquí se ha tenido particiones y extensiones del modelo propuesto.

Van Wyk *et al.* (2003) indican que para la estimación de los parámetros genéticos es importante implementar el modelo correcto, que incluya los factores aleatorios pertinentes. La exclusión de componentes importantes en el análisis genético, tiene el efecto de sobreestimar los estimados de los parámetros considerados.

El problema de predicción de valores de cría no fue formulado de una manera explícita, hasta que Henderson (1949, 1973), derivó lo que después fue conocido como BLUP, que requiere resolver ecuaciones de un modelo mixto para obtener los valores de cría. Sin embargo, debido al desconocimiento de los parámetros genéticos verdaderos, la predicción BLUP de valores genéticos se realiza en dos pasos sucesivos, primero se estiman los componentes de varianza, generalmente por medio de REML, y posteriormente se utilizan estas estimas para la predicción de valores de cría. Henderson (1976), estuvo interesado en BLUP usando información de todos los parientes, él introdujo un modelo animal de la forma, $y = Xb + Zu + e$ con $\text{var}(y) = ZGZ' + R = V$, $\text{var}(u) = G$ y $\text{var}(e) = R$, con el elemento u_i representando el efecto genético aditivo del i ésimo individuo, entonces la matriz varianza del efecto animal toma la forma de $G = A\sigma_a^2$, donde A representa la matriz del numerador de parentesco aditivo y σ_a^2 es la varianza genética aditiva. Henderson también demostró que es mucho más fácil formar A^{-1} (término usado en las ecuaciones de modelo mixto) que A . La ventaja de usar el modelo animal es que podemos tomar en cuenta todas las relaciones de parentesco y tamaño desigual de familia (Thompson, 2008).

Las razones de una mayor ganancia genética que se puede lograr usando BLUP se puede resumir en: i) usa la información de todos los parientes conocidos de un individuo y facilita comparaciones del mérito genético entre animales usando diferentes cantidades de información; ii) facilita comparaciones del mérito genético entre animales con registros de datos de diferentes regímenes de manejo y en diferentes rebaños haciendo posible comparaciones entre ellos; iii) permite hacer comparaciones entre animales que sufren diferentes presiones de selección; y iv) permite evaluar el cambio genético en el tiempo (Satoh, 2006).

Los modelos mixtos se han usado en la determinación de valores genéticos en alpacas; para características como diámetro de fibra, desviación estándar de diámetro de fibra, factor de confort, coeficiente de variación de diámetro de fibra, densidad, rizo-cabeza, cobertura y balance (Cervantes *et al.*, 2010) además de peso de vellón, longitud de mecha, intervalo entre esquilas, valor textil (Gutiérrez *et al.*, 2009); y como también, para identificar la existencia de genes mayores que afectan la fibra de alpaca (Pérez-Cabal *et al.*, 2010).

2.4.3 MODELO ANIMAL CON EFECTO MATERNO

La expresión fenotípica de algunos rasgos en la progenie, tales como el peso al destete, está influenciada por la capacidad de la madre para proporcionar un entorno adecuado en la forma de una mejor alimentación a la cría. Por lo tanto la madre contribuye al rendimiento de la progenie de dos maneras: primero, a través su efecto genético directo que pasa a esta y, en segundo lugar, a través de su capacidad para proporcionarle un entorno adecuado; por ejemplo en la producción de leche. Características como el peso al nacimiento y al destete en ganado de carne entran en esta categoría y se denominan características de influencia materna. La capacidad de la madre para proporcionar un entorno adecuado para la expresión de tales características en su progenie, es en parte genética y en parte medio ambiental. De manera similar al componente genético de un individuo, el componente genético materno puede dividirse en efectos aditivos, dominancia y epistático (Willham, 1963). Asimismo, la parte medio ambiental puede dividirse en ambiente permanente y ambiente temporal. Si bien el componente genético aditivo materno de la habilidad materna se transmite a toda su descendencia, solo se expresa cuando la progenie femenina tiene su propia descendencia (Mrode, 2005).

En el habitual modelo lineal mixto de las características influidas maternalmente, una expresión fenotípica se divide en los siguientes componentes (Figura 3):

- a. Efectos genéticos aditivos, del padre y la madre, por lo general llamados efectos genéticos directos;
- b. Capacidad genética aditiva de la madre para proporcionar un entorno adecuado, suele llamarse el efecto genético materno o indirecto.
- c. Efectos ambientales permanentes, los cuales incluyen las influencias ambientales permanentes de la habilidad materna y los efectos genéticos no aditivos de la madre.
- d. Otros efectos ambientales aleatorios, denominados efectos residuales.

Estimados de correlaciones genéticas entre efectos directos y efectos maternos, son sin embargo a veces altamente negativas (Cheverud, 2003).

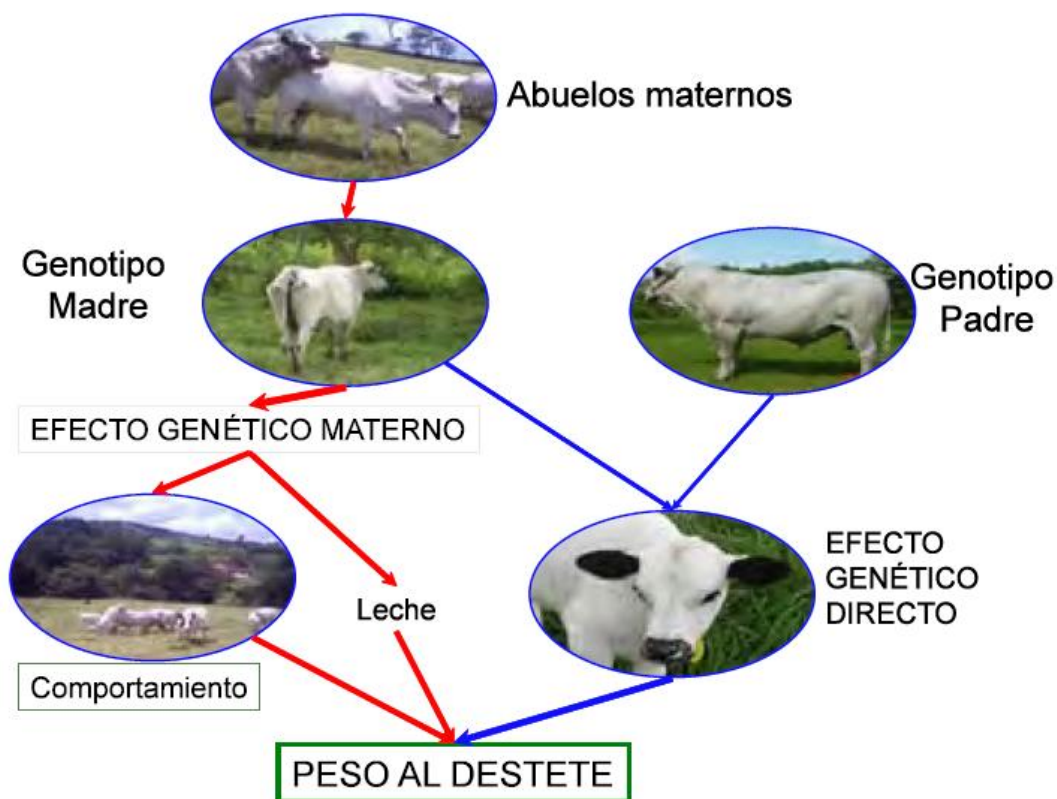


Figura 3: Efectos genéticos (directo y materno) que influyen sobre la evaluación genética de características hasta el destete (Tomado de Elzo y Vergara 2012).

III. MATERIALES Y MÉTODOS

3.1 LUGAR DE EJECUCIÓN

El presente estudio fue realizado en el Centro de Investigación y Producción (CIP) Quimsachata, del Instituto Nacional de Innovación Agraria (INIA), ubicado entre los distritos de Santa Lucía y Cabanillas de las Provincias de Lampa y San Román, respectivamente, en la región Puno (Figura 4); a 15° 04' latitud sur y 70° 78' longitud oeste, a una altitud promedio de 4 300 msnm y a 118 km de la ciudad de Puno. El centro tiene una extensión total de 6 281 ha, la temperatura fluctúa entre 3 °C de mayo a julio y 15 °C entre setiembre y diciembre; siendo el promedio durante el año de aproximadamente 7 °C (Huanca *et al.*, 2007). La precipitación pluvial es de 688.3 mm anuales y la humedad relativa de 40 %. El lugar pertenece a la zona agroecológica de Puna Seca, por lo que sus pasturas naturales tienen características peculiares, siendo la composición florística y cobertura de pastos buena en la época de lluvias, disminuyendo notoriamente en la época de estiaje, observándose especies anuales y perennes, predominando las gramíneas y en menor grado, compuestas, ciperáceas, juncáceas y rosáceas, que varían en su composición fundamentalmente de acuerdo a la humedad del suelo, exposición y características edafológicas como textura y contenido de materia orgánica.



Figura 4: Ubicación geográfica del Banco de Germoplasma de Quimsachata.

3.2 DE LOS ANIMALES DE ESTUDIO

La información analizada en el presente estudio proviene de alpacas pertenecientes al Banco de Germoplasma de Alpacas de Color y Llamas de Quimsachata.

La parición de alpacas en este centro, ocurre en los meses de diciembre a marzo y en algunos años hasta abril; si bien este periodo era prolongado se ha venido reduciendo debido a que actualmente la campaña de empadre se realiza desde la primera quincena del mes de enero hasta la primera quincena del mes de marzo. Las hembras preñadas son agrupadas en una majada a cargo del personal responsable de su cuidado y del registro de los nacimientos en cuadernos de campo, detallando características como sexo, raza, color y peso vivo de la cría recién nacida, así como raza, color y el arete de la madre respectiva. Posteriormente, en un plazo menor a una semana post nacimiento, las crías son identificadas con aretes de aluminio y se les retira los collares que hasta ese momento les servían de identificación; de esta labor se encarga el técnico de campo, quien posteriormente lleva los datos a la sede central de Quimsachata, donde se transfieren al libro de parición.

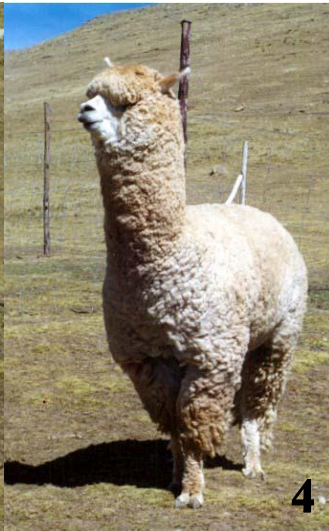


Figura 5: Tonalidades de capa de alpacas del Banco de Germoplasma de Quimsachata; 1- gris, 2 – api o ruano, 3 - blanco, 4 - Light Fawn (LF) o canela, 5 - café, 6 - café oscuro, 7 café rojizo y 8 - negro.

3.3 DE LA VARIABLE DE ESTUDIO

La variable de interés en el presente estudio fue el peso vivo al nacimiento (PN), medida que fue tomada pocos minutos después del parto, usándose para ello una balanza de capacidad de 25 kg y una manta para facilitar el pesado, el dato fue registrado junto con los datos de identificación (arete) de la madre y las características fenotípicas más importantes de la cría.

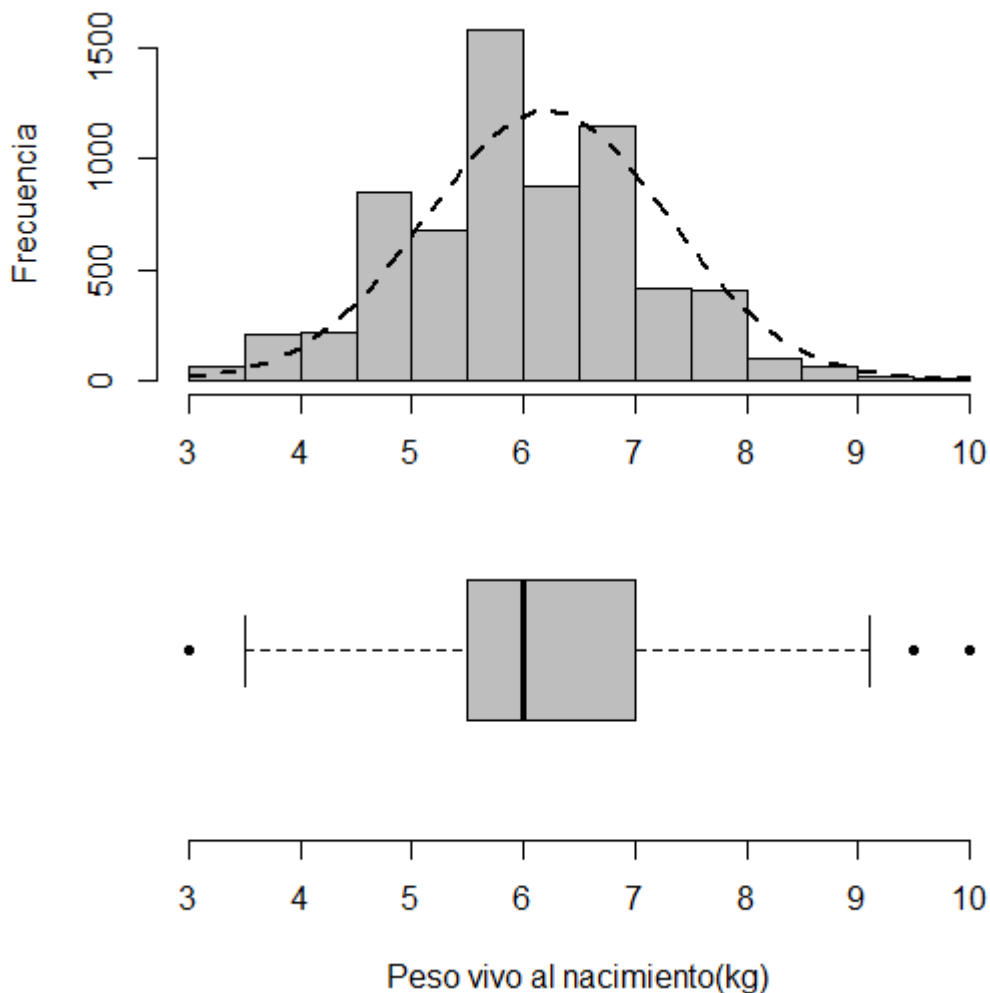


Figura 6: Histograma de frecuencias para la distribución de la variable peso vivo al nacimiento de alpacas de 1998 a 2012 en Quimsachata.

3.4 DE LOS DATOS

El estudio se basó en datos pertenecientes a un total de 8442 alpacas, de las cuales, 6617 tenían registro de peso vivo al nacimiento, 4130 tenían identificados al padre y madre;

6435 tenían identificación de la madre; y 2007 sin información de padre ni de madre. Este último grupo incluye animales adquiridos de otras zonas y a individuos de los cuales no se pueden encontrar registros de nacimiento. La información fue recabada de los libros de parición y empadre, en el periodo comprendido entre los años 1998 al 2012 (Cuadro 2).

Cuadro 2: Número de animales, records, promedios, desviación estándar, valores mínimos y máximos de peso vivo al nacimiento por cada año, en alpacas de Quimsachata.

Año	Número de Animales	Número de Records	Promedio Peso Nacimiento (kg)	Desviación Estándar (kg)	Valor Mínimo (kg)	Valor Máximo (kg)
1998	503	383	6.54	1.01	4	9.1
1999	552	478	6.04	1.06	3	10
2000	467	430	6.27	1.20	3	9.5
2001	491	398	5.51	1.10	3	9
2002	544	457	5.72	1.00	3	9.5
2003	543	471	6.03	0.97	3	9
2004	488	421	6.02	1.01	3.5	10
2005	511	434	6.41	0.95	3.5	9.5
2006	543	464	6.55	1.05	3	10
2007	570	530	6.73	1.05	3.5	10
2008	574	500	6.69	1.12	3	10
2009	590	561	6.08	1.03	3	9
2010	351	351	6.37	0.94	3.5	8.5
2011	357	357	5.71	0.86	3.5	9.5
2012	382	382	6.29	0.91	4	8.5
Total	7466	6617	6.20	1.08	3	10

Los individuos que tenían registro de peso vivo al nacimiento provenían de 655 padres y 2469 madres, considerando que cada padre y madre podrían tener más de una cría durante su vida productiva.

Para realizar el análisis genealógico y la determinación del valor genético se agruparon a todas las alpacas en cuatro grupos de acuerdo a la similitud en su tonalidad de capa, la asignación de los animales a un determinado grupo fue en base al color de la cría, siendo sus padres incluidos en el grupo de su cría, así se contó con los siguientes grupos: i) api-gris que incluyo tonalidades api y gris; ii) negro – oscuro, con tonalidades negro y café oscuro; iii) blanco, sin tonalidades; y iv) café, con tonalidades café claro, café, café rojizo, y “Light Fawn (LF)” o canela (Figura 5).

Con los datos obtenidos se editó y elaboró un archivo con información genealógica (padre, madre y fecha de nacimiento) y fenotípica (sexo, raza, color, peso vivo al nacimiento) de cada individuo nacido en el periodo de estudio.

3.5 ANÁLISIS ESTADÍSTICO

El análisis estadístico se realizó en dos etapas consecutivas; la evaluación de la significancia de efectos fijos y covariables, así como la elección del modelo más adecuado para analizar la variable de estudio; y la estimación de los componentes de varianza, índice de herencia y correlaciones genéticas en análisis univariado.

3.6 ESTRUCTURA GENÉTICA POBLACIONAL

Para evaluar la estructura genética poblacional se determinaron los siguientes parámetros: grado de profundidad de pedigrí, intervalo generacional, coeficiente de consanguinidad, coeficiente de relación media, tamaño efectivo de la población, número efectivo de fundadores, número efectivo de ancestros.

3.6.1 GRADO DE PROFUNDIDAD DE PEDIGRÍ

El nivel de profundidad de pedigrí fue evaluado por medio de los siguientes parámetros: i) el número máximo de generaciones trazadas (número de generaciones que separan un individuo de su ancestro más lejano) en toda la población; ii) número máximo de generaciones completas (la generación más lejana con dos antecesores conocidos) de la misma población; iii) el número equivalente de generaciones completas, (suma de todos los ancestros conocidos, calculados como la suma $(1/2n)$ donde n es el número de generaciones que separan al individuo de cada ancestro conocido) (Maignel *et al.*, 1996); igual a $\sum_{i=1}^{n_j} \frac{1}{2^{g_{ij}}}$, donde n_j es el número total de ancestros del animal j y g_{ij} es el número de generaciones entre j y su ancestro i (Boichard *et al.*, 1997); y iv) la proporción de padres, abuelos, bisabuelos y tatarabuelos conocidos, es decir, estudio de la información de la calidad de pedigrí (descripción de la integridad de cada uno de los ancestros en el árbol genealógico desde cuarta generación parental).

3.6.2 INTERVALO DE GENERACIONES

El intervalo de generaciones es calculado para los cuatro pasos genéticos (padre-hijo, padre-hija, madre-hijo, madre-hija) en forma separada como ocurre en la transferencia de genes de padres a hijos. El intervalo de generaciones medio de una población es calculado por $\bar{L} = 1/4 (L_{MM} + L_{MF} + L_{FM} + L_{FF})$ tal como lo propusieron Rendel y Robertson (1950).

3.6.3 ESTIMACIÓN DE COEFICIENTE DE CONSANGUINIDAD

El coeficiente de consanguinidad fue calculado utilizando los softwares PopRep (Groeneveld *et al.*, 2009) y Endog v4.8 (Gutiérrez y Goyache, 2005) que utilizan un conjunto mínimo de información sobre cada animal, para estimar y para calcular otros parámetros relevantes que caracterizan una estructura poblacional

Para el cálculo del coeficiente de consanguinidad, se usó el método desarrollado por Wright (1922), citado por Lush (1969), siendo la fórmula:

$$F_X = \sum (0.5)^{n_1+n_2+1} (1 + F_A)$$

Donde:

F_X = coeficiente de consanguinidad del animal x.

n_1 = número de generaciones desde un padre al antecesor común.

n_2 = número de generaciones desde el otro padre al antecesor común.

F_A = coeficiente de endogamia del antecesor A.

Σ =indica que los resultados, correspondiente a cada antecesor común, deben ser sumados después de haber sido calculados de forma separada.

El archivo de genealogía utilizado para el análisis de la estructura genética de la población fue ejecutado por el programa Endog versión 4.8 (Gutiérrez y Goyache, 2005). El programa utiliza el algoritmo propuesto por Meuwissen y Luo (1992) para el cálculo del coeficiente de consanguinidad (F). El incremento de la consanguinidad (ΔF) fue calculado,

para cada generación, mediante la siguiente fórmula clásica $\Delta F = \frac{F_t - F_{t-1}}{1 - F_{t-1}}$, donde F_t y F_{t-1}

son los promedios de consanguinidad de la t-ésima generación ($i= 1, \dots, t$).

3.6.4 ESTIMACIÓN DE TAMAÑO EFECTIVO DE LA POBLACIÓN

Para su determinación se uso el método basado en el cambio individual de consanguinidad propuesto por Gutiérrez *et al.* (2009), donde el nivel de conocimiento de pedigrí de un individuo dado i se estima por el número de generaciones equivalentes trazadas ($E_q G_i$), (Boichard, 1997). La tasa de cambio de la consanguinidad individual (ΔF) es calculada de acuerdo a la ecuación (15), en que F_i es el coeficiente de consanguinidad del individuo i :

$$\Delta F_i = 1 - \sqrt[E_q G_i - 1]{1 - F_i} \quad (15)$$

Las tasas de consanguinidad son promediadas como $\overline{\Delta F}$ que conduce al siguiente estimado de N_e :

$$N_e = 1/2\overline{\Delta F} \quad (16)$$

Mientras el error estándar puede ser aproximado como:

$$\sigma_{N_e F_i} = \frac{2}{\sqrt{n}} N_e F_i^2 \sigma_{\Delta F_i} \quad (17)$$

Donde n como el tamaño de la población de referencia y $\sigma_{\Delta F_i}$ la desviación estándar de ΔF_i .

3.6.5 ESTIMACIÓN DE LAS PROBABILIDADES DE ORIGEN DE LOS GENES

a. Número Efectivo de Fundadores

El número de efectivo de fundadores (N_f) fue calculado según Lacy (1989) con la siguiente formula:

$$N_f = \frac{1}{\sum_{k=1}^f q_k^2}$$

Donde: q_k es la probabilidad de que un gen sea originado de un fundador k

b. Número Efectivo de Ancestros

El número efectivo de ancestros (N_a), se calcula de manera similar usando la siguiente formula:

$$N_a = \frac{1}{\sum_{j=1}^a q_j^2}$$

Donde: q_j es la contribución marginal de un ancestro j (no necesariamente fundador).

3.7 ESTIMACIÓN DE PARÁMETROS Y VALOR GENÉTICO

El cálculo de los parámetros genéticos del peso vivo al nacimiento fue realizado usando la metodología REML. Un modelo animal mixto incluyendo efecto genético aditivo y efecto genético materno como efectos aleatorios fue diseñado para la variable respuesta. El modelo incluyó los siguientes efectos fijos: sexo (macho o hembra), color (4 niveles: api-gris, cafés, blanco, negro-café oscuro), año de nacimiento (14 niveles del año 1998 al 2012), mes de nacimiento (5 niveles, diciembre, enero, febrero, marzo, abril), y como covariable lineal la edad de la madre al nacimiento de la cría.

En base a la información obtenida de la genealogía y del archivo de fenotipo se analizaron bajo diferentes modelos animal.

3.7.1 MODELO ANIMAL UNIVARIADO

La ecuación básica del modelo mixto, empleado en el análisis univariado, que incluye los efectos para la característica peso vivo al nacimiento, es:

$$y = Xb + Za + e$$

Donde:

y = Vector de los valores fenotípicos: peso vivo al nacimiento;

b = Vector de efectos fijos: sexo, color, año y mes de nacimiento, edad al parto;

a = Vector de efecto genético aditivo de los animales;

e = Vector de residuales;

X = Matriz de coeficientes que relaciona las observaciones del vector “ y ” con efectos fijos del vector “ b ”;

Z = Matriz de coeficientes que relaciona las observaciones del vector “ y ” con efectos aleatorios del vector “ a ”;

Los valores esperados y estructura de matrices de varianza y covarianza son:

$$E \begin{bmatrix} y \\ a \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} Xb \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix}$$
$$V \begin{bmatrix} a \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} A\sigma_a^2 & 0 \\ 0 & I\sigma_e^2 \end{bmatrix}$$

Donde:

A = Matriz del numerador de parentesco entre animales;

I = Matriz identidad de orden igual al número de records;

σ_a^2 = Varianza genética aditiva;

σ_e^2 = Varianza residual.

Las ecuaciones solución del modelo mixto están representados por:

$$\begin{bmatrix} \hat{b} \\ \hat{a} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'X & X'Z \\ Z'X & Z'Z + \alpha A^{-1} \end{bmatrix}^{-1} \begin{bmatrix} X'y \\ Z'y \end{bmatrix}$$

Donde:

$$\alpha = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_a^2}$$

Los estimados de índice de herencia, se obtuvieron usando los valores de los componentes de varianza del modelo animal, empleado la expresión indicada (Gilmour *et al.*, 2006):

$$h^2 = \frac{\sigma_a^2}{(\sigma_a^2 + \sigma_e^2)}$$

3.7.2 MODELO ANIMAL CON EFECTO MATERNO

Este es un modelo parecido al anterior, con la diferencia de que la varianza de efectos aleatorios incluye la covarianza de efectos aditivo directo y materno. La ecuación del modelo mixto es la siguiente:

$$y = Xb + Za + Mm + e$$

Donde:

y = Vector de valores fenotípicos: peso vivo al nacimiento;

b = Vector de efectos fijos: sexo, color, año y mes de nacimiento, edad al parto;

a = Vector de efecto genético aditivo de los animales;

m = Vector de efecto genético aditivo materno;

e = Vector de residuales;

X= Matriz de coeficientes que relaciona las observaciones del vector “y” con efectos fijos del vector “b”;

Z= Matriz de coeficientes que relaciona las observaciones del vector “y” con efectos aleatorios del vector “a”;

M= Matriz de coeficientes que relaciona las observaciones del vector “y” con efectos aleatorios del vector “m”.

Se asume que la varianza y covarianza de efectos aleatorios es la siguiente:

$$E \begin{bmatrix} y \\ a \\ m \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} Xb \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix}$$

$$V \begin{bmatrix} a \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} A\sigma_a^2 & \sigma_{am} & 0 \\ \sigma_{am} & A\sigma_m^2 & 0 \\ 0 & 0 & I_n\sigma_e^2 \end{bmatrix}$$

Donde:

A= Matriz del numerador de parentesco entre animales;

I_n= Matriz identidad de orden igual al número de animales de records;

σ_a^2 = Varianza genética aditiva;

σ_m^2 = Varianza genética aditiva maternal;

σ_{am} = Covarianza genética aditiva y maternal;

σ_e^2 = Varianza residual.

Las ecuaciones solución del modelo mixto están representados por:

$$\begin{bmatrix} \hat{b} \\ \hat{a} \\ \hat{m} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'X & X'Z & X'M \\ Z'X & Z'Z + A^{-1} \frac{\sigma_e^2}{\sigma_{am}} & Z'M + A^{-1} \frac{\sigma_e^2}{\sigma_a^2} \\ M'X & M'Z + A^{-1} \frac{\sigma_e^2}{\sigma_m^2} & M'M + A^{-1} \frac{\sigma_e^2}{\sigma_{am}} \end{bmatrix}^{-1} \begin{bmatrix} X'y \\ Z'y \\ M'y \end{bmatrix}$$

Los estimados de índice de herencia, se obtienen usando los valores de los componentes de varianza del modelo animal, empleado la expresión indicada (Gilmour *et al.*, 2006)

$$h^2 = \frac{\sigma_a^2}{(\sigma_a^2 + \sigma_m^2 + \sigma_{am} + \sigma_e^2)}$$

3.7.3 DETERMINACIÓN DE LA TENDENCIA GENÉTICA

Se promediaron anualmente los valores genéticos directos y valores genéticos maternos para peso vivo al nacimiento y se graficaron para ver su tendencia durante el periodo de estudio de 1998 a 2012.

3.8 SOFTWARE PARA ANÁLISIS

Se emplearon varios programas para en cada caso elaborar, ordenar, almacenar, editar y analizar los archivos fenotípicos y de genealogía, con el propósito de estimar los componentes de varianza, los mismos que son:

- Microsoft Excel 2010, para ordenar y almacenar la base de datos;
- Context, como editor de texto para elaborar los archivos de datos para el ingreso a los programas de análisis;
- Pedigree Viewer 5.5, (desarrollado por Brian y Sandy Kinghorn, Universidad de New England, Australia), para análisis preliminares del pedigrí y para renombrar los aretes de los individuos con números consecutivos;
- Asreml versión 3.0, para la estimación de los componentes de varianza y covarianza, heredabilidad y predicción de los valores genéticos, que es un paquete estadístico que usa algoritmo de información promedio (AI, Average Information) y métodos de matriz dispersa (matrix sparse) para ajustar modelos mixtos lineales usando los Métodos de Máxima Verosimilitud Restringida (Gilmour *et al.*, 2006);
- SAS (Sistema de Análisis Estadístico) versión 9.2. para editar los valores genéticos obtenidos;
- R-Studio que es un código abierto desarrollado e integrado para R- Project (R Core Team, 2012), para obtener las medias de los valores genéticos por cada año.

IV. RESULTADOS Y DISCUSIÓN

4.1 ESTRUCTURA GENÉTICA POBLACIONAL

Se encontró que el promedio de edad de los padres en cada campaña de parición fue incrementándose anualmente, desde un promedio de 2.5 años de edad en 1998, hasta 6.7 años de edad en la campaña de parición 2012.

En cuanto a las edades de los padres, en todos los años, tuvieron mayor frecuencia las edades de cuatro y cinco años, sin bien se cuenta con reproductores que tienen más de diez años de edad, tal como se muestra en el Cuadro 3. Siendo necesario precisar que estos promedios fueron obtenidos a partir de padres que contaban con registro de nacimiento y por tanto nacidos en el mismo Banco de Germoplasma, descartándose reproductores introducidos de otras localidades.

El promedio de edad de las madres, se incrementó de 2.5 a 6.8 años entre la campaña de parición 2001 y 2012, respectivamente. Siendo más frecuentes los partos de madres con edades de cuatro, cinco y seis años, tal como se muestra en el Cuadro 4. Como en el caso de los padres, estos resultados provienen de información obtenida de las madres con registro de nacimiento, no considerándose las adquiridas, las cuales carecían de registro de nacimiento.

Cuadro 3: Distribución de edades de padres por año de nacimiento de su prole entre 2001 y 2012.

Edad de Padres en Años												
Año	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	≥12	Promedio
2001	1	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	2.5
2002	-	3	6	-	-	-	-	-	-	-	-	3.7
2003	-	-	10	3	-	-	-	-	-	-	-	4.2
2004	-	2	8	11	9	-	-	-	-	-	-	4.9
2005	1	2	5	9	6	1	-	-	-	-	-	4.8
2006	-	5	3	5	11	2	1	-	-	-	-	5.2
2007	1	5	14	4	3	8	3	2	-	-	-	5.2
2008	-	7	18	7	3	2	3	-	-	-	-	4.6
2009	-	-	13	18	12	2	2	3	-	-	-	5.3
2010	-	2	4	8	12	9	1	2	1	-	-	5.9
2011	1	2	5	6	8	12	7	1	1	1	-	6.3
2012	-	3	6	6	7	10	11	8	-	-	1	6.7
Total	4	32	92	77	71	46	28	16	2	1	1	6.3

Cuadro 4: Distribución de edades de madres por año de nacimiento de su prole entre 2001 y 2012.

Edad de Madres en Años												
Año	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	≥12	Promedio
2001	1	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	2.5
2002	-	18	18	-	-	-	-	-	-	-	-	3.5
2003	-	-	28	14	-	-	-	-	-	-	-	4.3
2004	-	3	15	24	18	-	-	-	-	-	-	5
2005	1	10	12	28	13	3	-	-	-	-	-	4.8
2006	-	12	11	19	31	11	2	-	-	-	-	5.3
2007	3	21	42	8	11	37	14	3	-	-	-	5.3
2008	-	18	78	31	13	12	18	-	-	-	-	4.9
2009	-	3	47	86	30	12	11	8	-	-	-	5.3
2010	-	3	8	22	36	22	2	2	4	-	-	6
2011	1	3	10	13	28	29	13	1	1	1	-	6.2
2012	-	3	13	17	25	31	37	20	-	-	1	6.8
Total	6	95	282	262	205	157	97	34	5	1	1	6.3

El número de reproductores que permanece en la población por más tiempo tendrá a generar mayor número de progenie. El número de partos de cada madre se resume en el Cuadro 5. Se observa que la mayor proporción la conforman las madres con uno, dos y tres partos, existiendo también de 8 partos, pero en sólo seis casos.

Cuadro 5: Numero de madres según número de parto por año de 1997 hasta 2012.

Año	Número de Parto							
	1	2	3	4	5	6	7	8
1997	54	-	-	-	-	-	-	-
1998	393	5	-	-	-	-	-	-
1999	205	211	-	-	-	-	-	-
2000	116	178	122	-	-	-	-	-
2001	126	86	124	65	-	-	-	-
2002	156	104	72	84	33	-	-	-
2003	118	127	70	62	52	17	-	-
2004	100	84	76	46	35	22	7	-
2005	165	71	89	47	21	20	7	2
2006	148	113	67	65	34	14	9	-
2007	216	117	89	49	41	12	2	-
2008	176	129	76	48	26	16	5	1
2009	172	147	99	60	35	23	7	1
2010	90	86	80	54	24	9	2	1
2011	123	75	77	44	25	1	1	-
2012	115	80	77	64	28	8	1	1
Total	2473	1613	1118	688	354	142	41	6

El promedio anual de nacimientos fue de 402.2, registrándose mayor cantidad de estos en los años 2009 y 2007 de 544 y 526, respectivamente, tal como se muestra en la Figura 7.

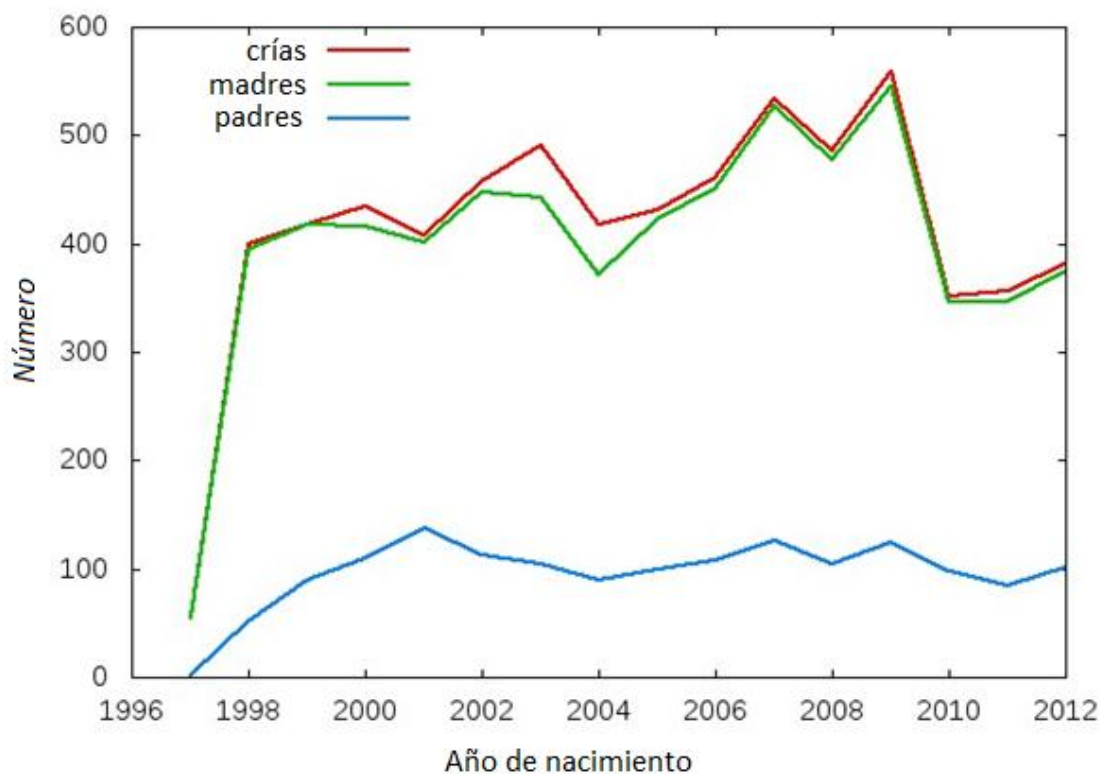


Figura 7: Número de padres, madres y crías por año entre 1997 y 2012.

4.1.1 PROFUNDIDAD DE PEDIGRÍ

El nivel de integridad de la información genealógica de una determinada población es importante ya que de él dependen los valores que tomen los coeficientes de consanguinidad y de relación media. Cuanto mayor es la profundidad del pedigrí, los valores calculados son más confiables para la determinación de la estructura genética de la población. En la Figura 8, se observa que por la vía de las hembras se tuvo mayor información, conociéndose las madres en el 76.23 % de los casos y los padres en el 48.92 %; en las siguientes generaciones se mantuvo esta diferencia en favor de la información por el lado materno, pero disminuyen tanto para madres y padres con el paso de las generaciones.

La mayor información materna puede deberse a que en Quimsachata los datos de las madres son registrados junto con los de las crías al nacimiento, en cambio la información paterna tiene que ser verificada de los registros de empadre y esta tarea se aplaza o no se realiza con la misma facilidad. Estos resultados muestran que el nivel de conocimiento de la

genealogía de los animales en el centro es regular, teniendo en cuenta que se trata de un periodo de 15 años.

Otra de las medidas de integridad de pedigrí es el número medio de generaciones completas equivalentes, que fue de 0.85, indicando que el número de generaciones conocidas es reducido. Por lo tanto, con escasa información, una importante información de pedigrí se pierde, imposibilitando el adecuado cálculo de parentesco entre los individuos de la población. En ese caso, su recuperación e incorporación al banco de datos contribuiría grandemente al mejor estudio de la población.

Es importante considerar que un alto porcentaje de individuos no cuentan con información paterna ni materna debido a que Quimsachata, por consolidar un Banco de Germoplasma de Alpacas de Color, adquirió reproductores machos y hembras de diferentes centros de producción sin información genealógica, por ello el número de animales fundadores es elevado en comparación con el número de ancestros identificados.

Los valores de integridad de pedigrí son inferiores a los reportados por Vilela y Asparrin (2012), quienes estudiando la genealogía de 12 493 alpacas del fundo Mallkini de Puno, encontraron valores de 69 % para los padres y 80.32 % para las madres.

El promedio de generaciones estimadas fue de 0.52, 1.33 y 0.85 para las generaciones completas, máximas y equivalentes, respectivamente. Se observa que siendo el periodo de estudio de 15 años (1998-2012) la cantidad de generaciones estimadas es reducida, desfavoreciendo el mejor conocimiento de la estructura poblacional por la poca profundidad del pedigrí.

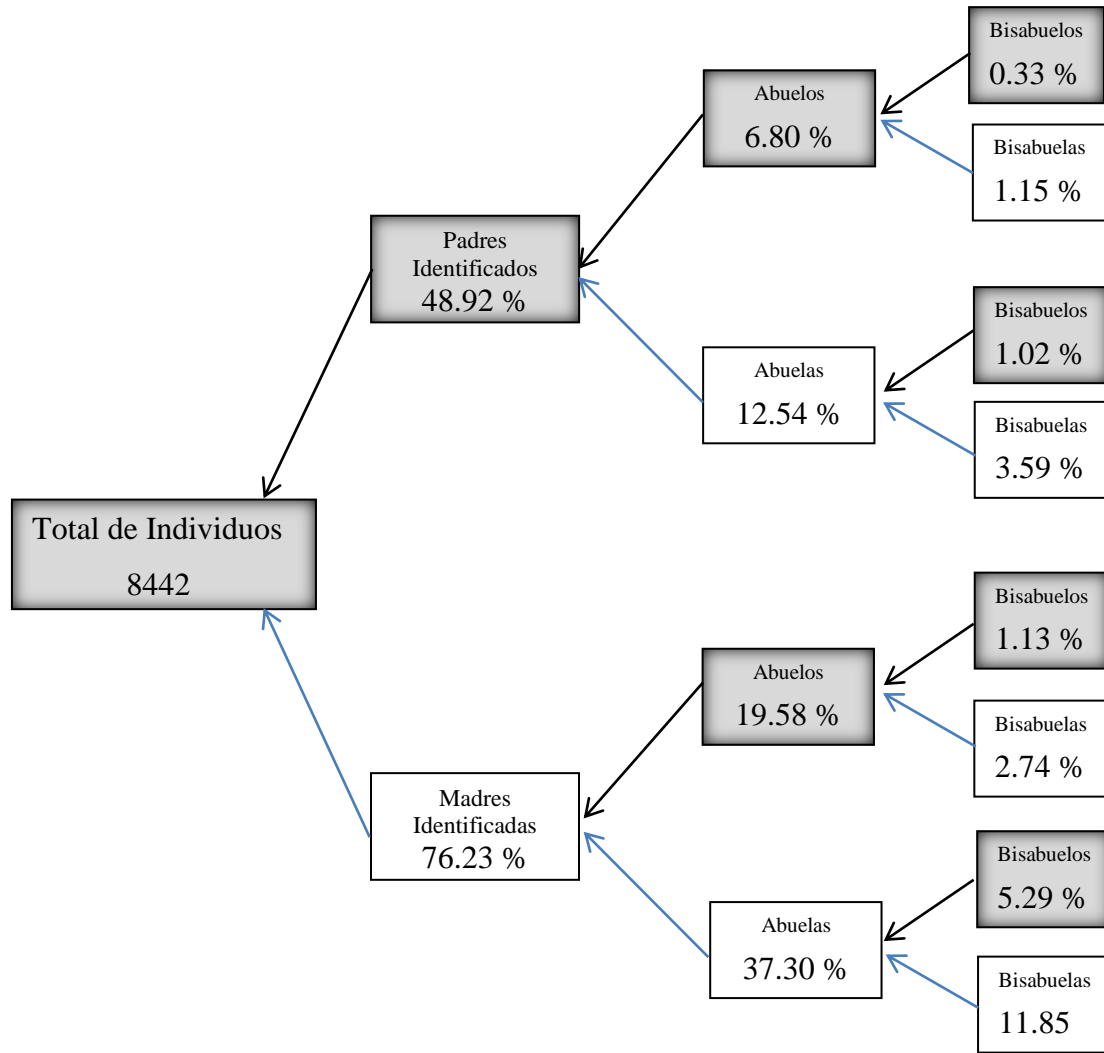


Figura 8: Nivel de integridad de la información genealógica en el Banco de Germoplasma de Quimsachata.

Cuadro 6: Número de alpacas por generaciones máximas y generaciones completas.

Generaciones Máximas	Número de alpacas	Generaciones Completas	Número de alpacas
0	2007	0	4312
1	3078	1	3843
2	2114	2	287
3	1084	3	-
4	155	4	-
5	4	5	-
Total	8442	Total	8442

En el Cuadro 6, se aprecia que sólo 4 individuos logran tener 5 generaciones máximas y 287 poseen información de 2 generaciones completas (padre, madre, abuelo paterno, abuela paterna, abuelo materno y abuela materna).

4.1.2 INTERVALO GENERACIONAL

El intervalo generacional es representado de dos formas: como la edad de los padres cuando nacen sus hijos que posteriormente serán reproductores (EPR), y como la edad promedio de los padres cuando nacen sus hijos (EPN).

Para la forma EPR, el intervalo generacional tiene una media es de 5.20 años, siendo la vía padre – hijo como la mayor con 6.05 años. En cambio por la forma EPN, el intervalo generacional tiene una media de 5.68 años, siendo la vía padre – hijo la mayor con 6.61 años (Cuadro 7). Por tanto la transmisión de genes de una generación a otra, se da en esos lapsos de tiempo.

Cuadro 7: Intervalo de generación (años) y media de edades de los padres al nacimiento de su progenie de alpacas de Quimsachata.

Tipo	Número	Media	Desviación Estándar	Error Estándar de la Media
Intervalo de Generación (años)				
Padre - Hijo	80	6.05	2.07	0.23
Padre - Hija	632	6.00	2.30	0.09
Madre - Hijo	148	4.92	1.92	0.16
Madre - Hija	1133	4.73	1.88	0.06
Total	1993	5.20	2.12	0.05
Edad de los Padres al Nacimiento de su Descendencia (años)				
Padre - Hijo	2159	6.61	2.92	0.06
Padre - Hija	1971	6.57	2.90	0.07
Madre - Hijo	3338	5.14	1.99	0.03
Madre - Hija	3097	5.07	2.00	0.04
Total	10565	5.68	2.50	0.02

Gallegos *et al.* (2012), en la población de alpacas Huacaya de Quimsachata, para el periodo 1998 al 2011, determinaron un intervalo generacional medio de progenitores de 5.20 años, siendo mayor por la vía padre comparado con la vía madre; asimismo, el intervalo generacional más prolongado fue a la vía padre – hijo con 5.40 años, valor que se asemejan a

lo encontrado. Sin embargo ambos son inferiores a los reportados por Ruiz de Castilla (2004) de 3.50 a 5.00 años, respectivamente.

Finalmente, Vilela y Asparim (2013), refieren intervalos generacionales de 5.50 y 5.90 años, bajo las dos modalidades - EPR y EPN - respectivamente; valores ligeramente superiores a los encontrados en el presente estudio, considerándose que se trata de un centro donde se realiza la selección para mejorar la calidad de fibra.

4.1.3 COEFICIENTE DE CONSANGUINIDAD

La media de los coeficientes de consanguinidad (F) fue de 0.04 %. En las primeras campañas de parición no se hallaron individuos consanguíneos debido a que no se conocían sus genealogías y el número de generaciones reflejado en la profundidad del pedigrí, era mínimo, encontrándose individuos consanguíneos recién a partir del año 2004. Sin embargo estos resultados indican que los apareamientos en el Banco de Germoplasma no han sido dirigidos, reduciéndose la probabilidad de apareamientos entre individuos emparentados.

El valor de consanguinidad reportado es inferior al 0.17 %, indicado por Vilela y Asparrin (2012) en una población de 12 493 alpacas con 6 generaciones máximas trazadas, en el fundo Mallkini en el departamento de Puno. La diferencia se debería al objetivo que se persigue en cada población estudiada; en el caso de Quimsachata se busca conservar la diversidad genética de las alpacas, en cambio en el estudio citado por Vilela y Asparin (2012), la orientación es hacia la mejora de la producción de fibra.

Cuadro 8: Coeficiente de consanguinidad (F) de los individuos consanguíneos de la población de alpacas de Quimsachata.

Año	Nro Animales Consanguíneos	Coeficiente de consanguinidad			
		Mínimo	Máximo	Promedio	DE
2004	1	0.125	0.125	0.125	-
2005	4	0.125	0.25	0.219	0.063
2007	1	0.125	0.125	0.125	-
2008	1	0.0625	0.0625	0.063	-
2009	8	0.0313	0.25	0.137	0.078
2010	7	0.0313	0.125	0.085	0.043
2011	4	0.0625	0.125	0.102	0.030

A pesar de la escasa profundidad de pedigrí se hallaron 26 individuos consanguíneos con coeficientes de consanguinidad mínimos de 3.13 % y valores máximos de 25.00 %, que nacieron en las campañas de parición de 2004 a 2011. El número mayor de alpacas consanguíneas fue de 7 y 8 encontrados en los años 2010 y 2009, respectivamente (Cuadro 8).

Es importante resaltar que el coeficiente de consanguinidad representa la probabilidad de que para un locus cualquiera, dos alelos sean idénticos por descendencia o el porcentaje de locus en el genoma que tienen alelos idénticos por descendencia. Los alelos pueden ser también idénticos en cada locus contribuyendo a la homocigosis sin consanguinidad, ya que no hay un número infinito de alelos alternativos para un locus cualquiera. Por tanto, el nivel de homocigosis es siempre mayor que F, especialmente en las poblaciones que se iniciaron con pocos animales y de loci con sólo un pequeño número de alelos alternativos.

Los valores de los coeficientes de consanguinidad encontrados están en relación al número de individuos consanguíneos encontrados sólo a partir del año 2004, tal como se muestra en la Figura 9.

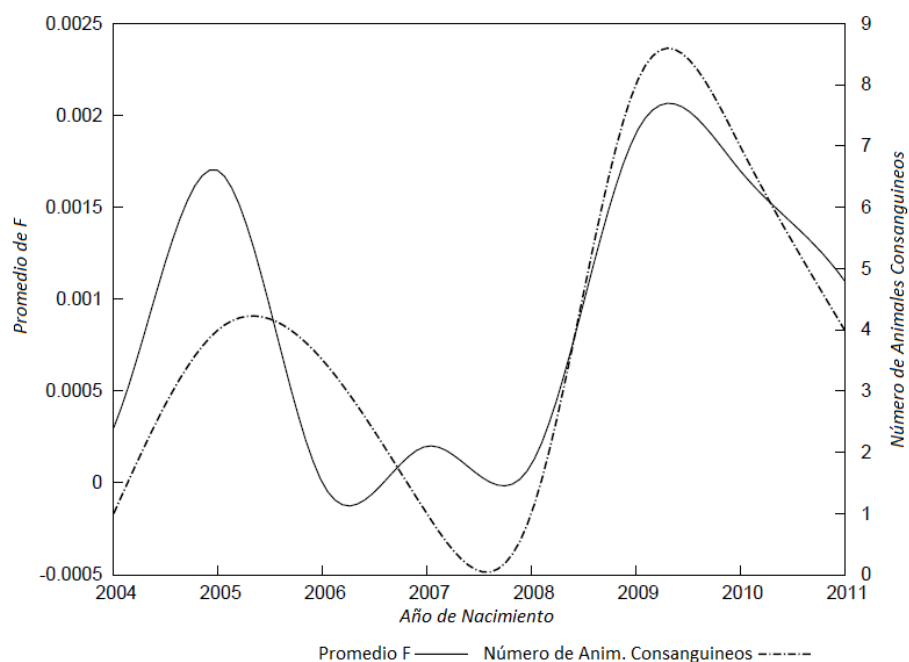


Figura 9: Variación anual entre el promedio del coeficiente de consanguinidad (F) y el número de animales consanguíneos en Quimsachata.

4.1.4 TAMAÑO EFECTIVO DE LA POBLACIÓN

Se obtuvieron valores de N_e muy variables entre sí. La razón de ello puede deberse a la poca profundidad de pedigrí y al reducido número de generaciones completas. De acuerdo a Gutiérrez (2013), por la naturaleza de los datos del presente estudio, el método más indicado sería el basado en el incremento de la consanguinidad individual (Gutiérrez *et al.*, 2009), que forma parte del programa Endog 4.8, que es considerado uno de los más indicados para estudios de poblaciones reales y de laboratorio (Leroy *et al.*, 2012).

El tamaño efectivo fue de 124.04 con una desviación estándar de 54.2. No existen reportes de tamaño efectivo en alpacas; sin embargo como indica la bibliografía, los programas de conservación de diversidad genética, tienen como preocupación mantener la variabilidad genética, lo cual se logra manteniendo un número elevado de individuos reproductores en la población. Un programa de conservación será más efectivo en el mantenimiento de variabilidad si tiene tamaño efectivo poblacional mayor.

Quintino de Oliveira (2010), cita que en otras especies han sido varios los estudios realizados sobre el tamaño efectivo como el de Nicholas (1980) quien propuso un N_e mínimo de 50 individuos por intervalo de generación medio, que implicaría tasas de consanguinidad de 1 % anual. Otros autores como Goddard y Smith (1990), sugieren un tamaño efectivo de 40 animales por generación, para maximizar la ganancia genética en poblaciones seleccionadas para producción de leche; en tanto Meuwissen y Woollins (1994) recomiendan valores entre 31 y 250, para prevenir decrecimientos en el valor adaptativo (por ejemplo, la tasa de sobrevivencia adulta).

Faria (2002), reportó la disminución del tamaño efectivo poblacional en diversas razas cebuinas, usando registros de la Asociación Brasileira de Criadores de Cebú, encontrando los siguientes valores: Nelore, 68; Nelore Mocho, 125; Gir, 45; Mocho, 24; Guzerá, 118; Indubrasil, 42 y Sindi, 10, concluyendo que si este hecho se mantiene implicaría la pérdida de la variabilidad genética en las poblaciones y el riesgo de extinción para algunas de las razas. Complementariamente, Oliveira (2009) en otro estudio en Brasil, analizando un rebaño de la raza Nelore de 39 290 individuos en la matriz de parentesco, encontró que el tamaño efectivo de la población fue igual a 40, lo cual ratifica en cierta medida el hallazgo de Faria (2002).

En este contexto, el valor del tamaño efectivo de la población de alpacas en el presente estudio de 124, indicaría un valor intermedio requiriendo que los esfuerzos de conservación de la diversidad genética en el Banco de Germoplasma, deben ser redoblados, más aun considerando que el grado de conocimiento de genealogía es bajo, impidiendo hacer una afirmación categórica al respecto.

4.1.5 ESTIMADOS DE PROBABILIDAD DE ORIGEN DE LOS GENES

a. Número Efectivo de Fundadores

La población total de 8442 individuos, la población base (con uno o los dos padres desconocidos) fue de 4312, este es el número de individuos que corresponden a la población fundadora del Banco de Germoplasma, siendo el número efectivo de los fundadores de 1394.3. La consanguinidad esperada por el desbalance de la contribución de los fundadores fue de 0.04 %.

b. Número Efectivo de Ancestros.

El número total de animales en la población de referencia fue de 4130, que corresponde a individuos con ambos padres conocidos. Asimismo el número de ancestros que contribuyeron a la población de referencia fue 1797, siendo el número efectivo de fundadores de 542, y el número efectivo de ancestros para la población de referencia de 521.

El número de ancestros que explican el 50 % de la variabilidad fue de 213, indicando que serían los de mayor importancia por su contribución a la población; en otras palabras, de estos 213 individuos se habría originado el 50% de los genes existentes en la población (Figura 10).

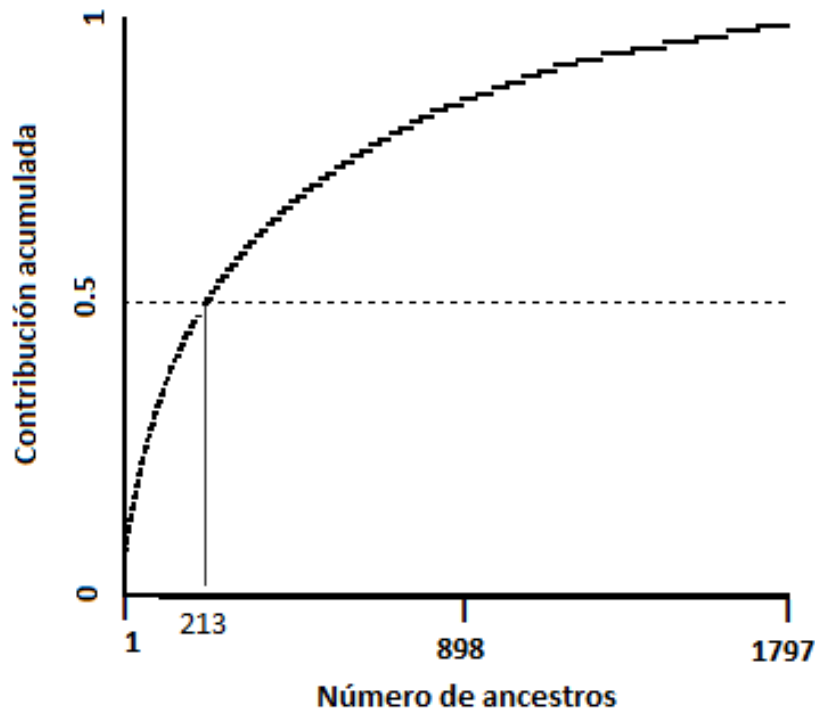


Figura 10: Evolución del cambio de la población explicada por los ancestros.

4.1.6 PARÁMETROS POR GRUPOS DE COLORES

En el Cuadro 9, se aprecian los 8 grupos de alpacas formados de acuerdo a su color de capa y por raza Huacaya o Suri, si bien esta clasificación fue hecha para caracterizar genéticamente a cada subpoblación, se tuvo el inconveniente de que sumando el número de individuos de todos los grupos, el total de animales alcanzó a 10 468 individuos, en lugar de los 8442 que realmente son. Esto último se debe a la existencia de animales que pertenecen a más de un grupo o cuyos hijos, a lo largo de las campañas de parición, fueron de diferente coloración de capa que sus padres.

Los coeficientes de consanguinidad estimados para cada uno de los ocho grupos fueron lejanos de los valores considerados como peligrosos (10%), lo que permite concluir que los apareamientos dentro del programa de conservación de cada una de los grupos de colores se han realizado con un manejo aceptable.

Cuadro 9: Principales parámetros de la estructura poblacional por grupo de colores en alpacas de Quimsachata.

	Gris - Api		Negro - Café Oscuro		Blanco		LF - Café Claro - Café - Café Rojo	
	HY	SU	HY	SU	HY	SU	HY	SU
Número de Animales	390	48	2292	475	2126	569	3738	830
Consanguinidad media (%)	0.03	0.00	0.03	0.00	0.00	0.00	0.04	0.00
Promedio de generaciones máximas	0.85	-	0.98	-	0.9	-	0.96	-
Nº equivalente de fundadores	211	36	1370	281	1263	206	2237	298
Nº efectivo de fundadores	175	32	685	191	654	236	933	
Nº de ancestros que dan origen a la población de referencia	111	12	659	159	605	173	981	
Nº efectivo de ancestros para la población de referencia	66	11	215	75	220	86	268	
Nº de ancestros que explican el 50%	26	5	104	28	93	32	130	113
Intervalo generacional (años)	4.61	-	4.89	4.58	4.98	4.64	5.28	4.61

En el cuadro anterior, se tiene información importante que se puede comentar: i) como la reducida población de alpacas de color api y gris, sobre todo para la raza Suri, de solamente 48 individuos, número a tomar en cuenta, tratándose del mayor centro de conservación de alpacas de color a nivel nacional y más aun sabiendo su menor número en manos de los criadores particulares, que en muchos casos es nula, corriendo por lo cual, serios problemas de extinción; ii) en todos los grupos de alpacas Suri, no se cuenta con información suficiente para determinar las generaciones máximas, posiblemente debido al menor número de individuos; iii) el intervalo generacional es mayor en el grupo de alpacas Huacaya de tonalidad café

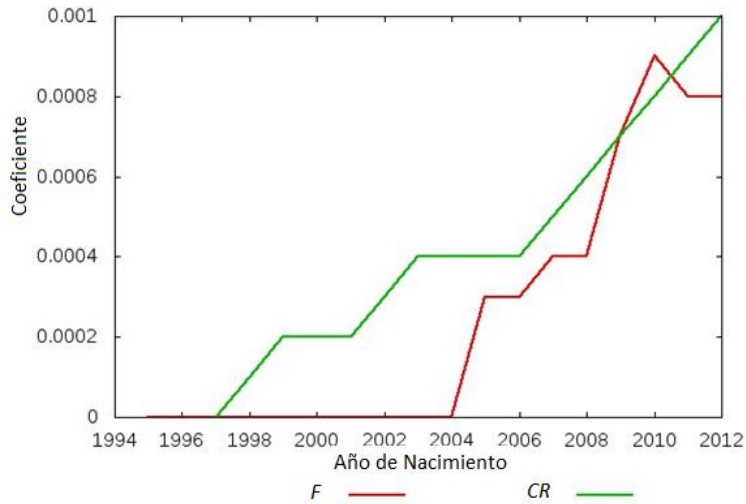


Figura 11: Comparación entre el promedio del coeficiente de consanguinidad (F) y el número de animales consanguíneos por año en Quimsachata.

4.2 PESO VIVO AL NACIMIENTO

El peso vivo al nacimiento promedio fue 6.21 ± 1.08 kg, con un coeficiente de variación de 17.4 %; este promedio es semejante a los reportados por Huanca *et al.* (2007) y Mamani (2005), de 6.6 ± 1.01 y 6.01 ± 0.03 kg, empleando los datos del mismo Banco de Germoplasma.

Los efectos fijos de color, año de nacimiento y mes de parto fueron altamente significativos ($P < 0.01$), el efecto sexo sólo fue significativo ($P < 0.05$) y el efecto raza no fue significativo ($P > 0.05$), sobre el peso vivo al nacimiento, tal como se puede apreciar en el Cuadro 10.

Los valores fenotípicos de peso vivo al nacimiento tuvieron un descenso en el 2001, posteriormente incrementaron hasta los años 2007 – 2008, años donde registran los mayores pesos vivos de todo el periodo de estudio, posteriormente ocurre un descenso en 2011; y una recuperación para el año 2012. Este comportamiento puede deberse a condiciones ambientales favorables que permiten la mayor disponibilidad de pastizales para la alimentación de la madre durante el último tercio de gestación traduciéndose en mayores pesos vivo al nacimiento y ocurriendo lo contrario cuando las condiciones son desfavorables.

Cuadro 10: Análisis de variancia sobre los pesos al nacimiento de alpacas de Quimsachata.

Efecto	GL		F-valor	Pr>F
	Numerador	Denominador		
Sexo	1	6615	3.991	0.0458
Raza	1	6594	0.661	0.416
Color	3	6613	21	<0.0001
Año de nacimiento	14	6602	56.5	<0.0001
Edad al Parto	1	3255	184.2	<0.0001
Mes de nacimiento	4	6612	60.5	<0.0001
Número de Parto	1	3255	169.2	<0.0001
Año*Mes	66	6550	20.41	<0.0001
Edad Parto*Número Part	1	3255	132	<0.0001

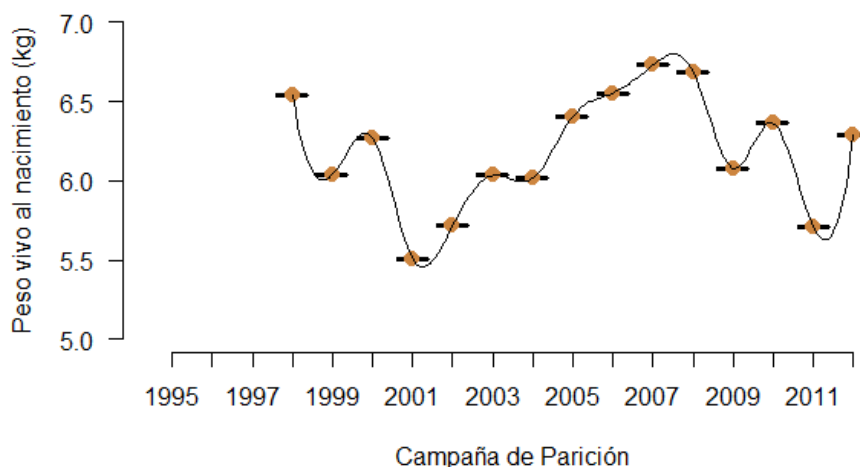


Figura 12: Tendencia de los valores fenotípicos de peso vivo al nacimiento.

4.2.1 ESTIMADOS DE COMPONENTES DE VARIANZA Y HEREDABILIDAD

En el Cuadro 11, se presentan los estimados de componentes de variancia y heredabilidades directa y maternal para peso vivo al nacimiento, obtenido por los tres modelos de análisis univariado. Los mismos que fueron diferentes conforme al modelo empleado.

Mientras en el modelo univariado la variancia genética aditiva directa fue 0.38, en el modelo con efecto genético materno esta disminuyó a 0.04 y se obtuvo una variancia genética aditiva materna de 0.27. La variancia residual con los dos modelos fluctuó entre 0.64 y 0.70

Consecuencia de las varianzas genéticas aditivas estimadas, la heredabilidad directa fue de 0.37 ± 0.03 y 0.04 ± 0.03 con el modelo univariado y modelo con efecto materno, respectivamente. El estimado obtenido con el modelo univariado se asemeja a los estimados de 0.34 ± 0.23 , 0.32 ± 0.12 y 0.24 ± 0.14 , reportados por Bustinza *et al.* (1988), Ruiz de Castilla *et al.* (1992) y Maquera (1996), respectivamente; pero con errores más bajos. Los menores errores serían consecuencia del mayor número de datos empleados y los modelos utilizados y la mayor precisión obtenida, por usar la metodología REML en la estimación de los componentes.

Existen reportes de valores mayores al del presente estudio, de 0.53 ± 0.11 y 0.63 ± 0.16 por Bravo y Velazco (1983) y Wuliji *et al.* (2000), respectivamente; diferencias que se pueden deber a la naturaleza particular de las poblaciones estudiadas y a las metodologías de estimación particularmente Wuliji *et al.* (2000) que si bien usó modelos mixtos para tal estimación, estudio una población de alpacas en Nueva Zelanda.

Los estimados de heredabilidad materna para peso vivo al nacimiento, fue de 0.27 ± 0.03 con el modelo con efecto materno. No se encontraron trabajos sobre estimación de componentes de varianza de efectos maternos en alpacas, sin embargo en otras especies se ha observado que al analizar características de crecimiento a partir de un modelo mixto donde sólo se incluye el efecto aditivo directo, las estimaciones de heredabilidad pueden tomar valores incorrectos (Clement *et al.*, 2001), mientras que el uso de un modelo que incluya los efectos genéticos aditivos directos y maternos, estima con mayor precisión los parámetros genéticos, incluso si adicionalmente se agrega el efecto ambiental permanente se obtiene mejor estimación de los parámetros. En el presente estudio no se contó con suficiente información de medidas repetidas de partos para incluir en el modelo el efecto ambiental permanente.

La correlación genética entre la varianza genética directa y la varianza genética materna fue de 0.03 ± 0.24 , indicando que no existe asociación entre ambas varianzas, lo cual es diferente a la mayoría de reportes en otras especies que indican una alta correlación negativa; pero, por otro lado muchos autores indican que desde el punto de vista fisiológico no es posible encontrar animales con bajo peso al nacimiento pero con alta capacidad materna

o viceversa. En general para la especie alpaca se requiere de más estudios para determinar la naturaleza de esta asociación.

Cuadro 11: Estimados de componentes de varianza, heredabilidades y correlación genética directa y materna para peso vivo al nacimiento.

Modelo	δ^2_a	δ^2_m	δ^2_e	h^2_a	h^2_m	r_{gam}
Univariado genético directo	0.38		0.64	0.37 ± 0.03		
Univariado genético materno		0.29	0.78		0.28 ± 0.02	
Univariado con efecto materno	0.04	0.27	0.70'	0.04 ± 0.03	0.27 ± 0.03	0.03 ± 0.24

δ^2_a = varianza genética aditiva directa, δ^2_m = varianza genética aditiva materna, δ^2_e = varianza residual, h^2_a = heredabilidad directa, h^2_m =heredabilidad materna, r_{am} = correlación genética entre efectos genéticos aditivo y materno.

En llamas, Mamani-Cato *et al.*(2012), estimaron una heredabilidad directa de 0.39 ± 0.079 para el peso vivo al nacimiento en la población de llamas Chaccu de Quimsachata, valor parecido a lo encontrado en el presente estudio utilizando el modelo que sólo incluye el efecto genético directo, que si bien proviene de poblaciones de diferentes especies, se encontraron bajo las mismas condiciones ambientales y de manejo que las alpacas en el presente estudio.

4.2.2 TENDENCIA GENÉTICA DE PESO VIVO AL NACIMIENTO

Las gráficas de las tendencias genéticas tomando en cuenta el valor genético de la característica peso vivo al nacimiento, indica que a lo largo de los años 1998 a 2012 se mantuvieron los valores genéticos directos; mientras que los valores genéticos maternos tuvieron ligeras fluctuaciones, pero entre valores mínimos, como se muestra en las Figuras 13 y 14. Indicando que no se realiza selección para esta característica de acuerdo con los objetivos que busca un centro de conservación de diversidad genética y que las diferencias fenotípicas observadas se deberían a los efectos ambientales.

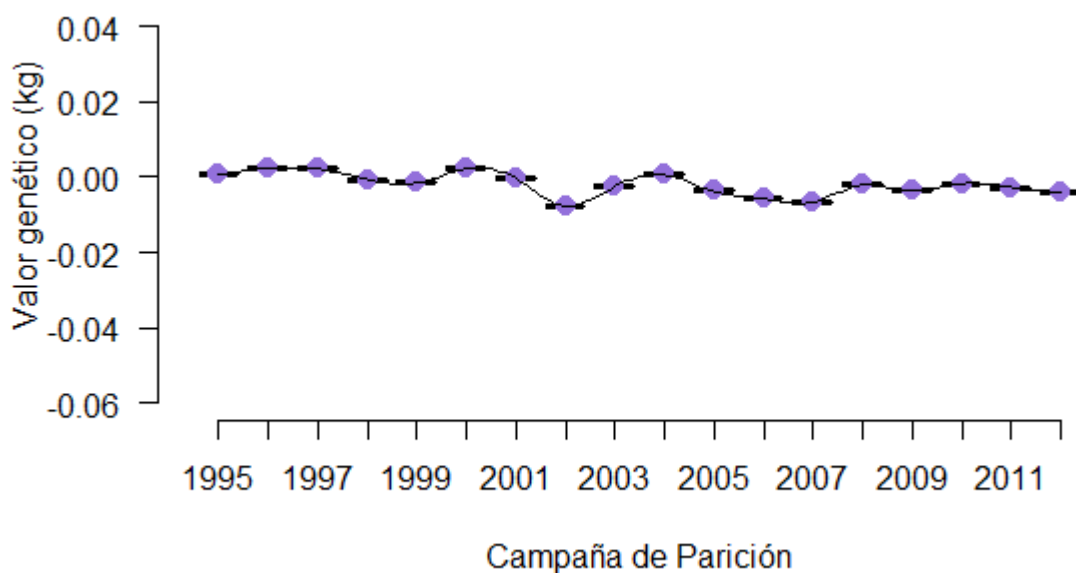


Figura 13: Tendencia de los valores genéticos aditivos para peso vivo al nacimiento de alpacas de Quimsachata.

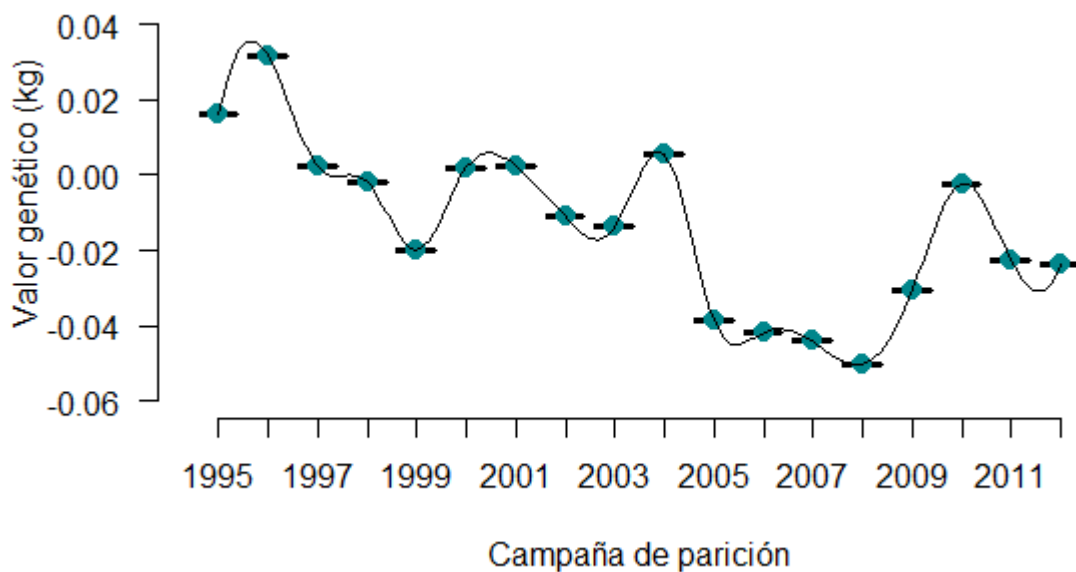


Figura 14: Tendencia de los valores genéticos maternos para peso vivo al nacimiento de alpacas de Quimsachata.

V. CONCLUSIONES

1. El promedio del coeficiente de consanguinidad en la población fue de 0.04 %, valor que indica niveles adecuados y aceptables para este centro de conservación genética, sin embargo el mismo fue calculado con el promedio de generaciones máximas de sólo 1.33.
2. El tamaño efectivo de la población fue de 124 ± 54 , lo cual indica el número de individuos que generaría la misma tasa de consanguinidad en la población actual si esta fuese ideal.
3. Los intervalos de generacionales fueron de 5.2 y 5.68 años, edades que corresponden a la edad de los padres cuando nace su progenie seleccionada como de reemplazo y la edad de su progenie cuando nace toda su progenie, respectivamente.
4. Los estimados de heredabilidad directa y materna para el peso vivo al nacimiento fueron de 0.04 ± 0.03 y 0.27 ± 0.03 respectivamente, y con una correlación genética entre la varianza genética aditiva directa y la del efecto genético materno de 0.03 ± 0.24 , indicando que la apreciación del buen fenotipo para peso vivo no predice eficientemente el valor genético para este carácter y por otro lado la correlación indica que no existiría asociación entre estos efectos.
5. La tendencia genética para el valor genético de peso vivo al nacimiento se mantiene estable desde el año 1998 al año 2012, indicando la no selección a favor de dicha característica.

VI. RECOMENDACIONES

1. Continuar en el esfuerzo de mejorar el registro de datos de la población de alpacas, identificándolos por única vez al nacimiento, y en registros posteriores solo registrar el número de arete para evitar confusiones en la definición de colores u otras características.
2. Monitorear constantemente los niveles de parentesco para evaluar la necesidad de incorporar nuevos individuos a la población, sobre todo en la población de alpacas de color con menor número de individuos.
3. Profundizar la caracterización fenotípica y genética de la población del Banco de Germoplasma con otras características y usando marcadores moleculares.
4. Utilizar los resultados como referencia para evaluar las tendencias genéticas de poblaciones selectas bajo mejora convencional, al menos en el ámbito de Puno.
5. Documentar las decisiones que conlleven a la salida o introducción de animales del Banco de Germoplasma, basando las mismas en criterios que respalden el mantenimiento máximo de la diversidad genética de la población.

VII. REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ALEXANDER, G., 1964. Studies on the placenta of the sheep (*Ovis aries*). Placenta size. J. Reprod. Fertil. 7: 289–305.
- BOICHARD, D.; MAIGNEL, L. y VERRIER, E. 1997. The value of using probabilities of gene origin to measure genetic variability in a population, Genet. Sel. Evol. 29: 5-23.
- BOLDMAN, K.G.; KRIESE, L.A.; VAN VLECK, L.D. y KACHMAN, S.D. 1993. A manual for use of MTDFRML: A set of programs to obtain estimates of variances and covariances. U.S. Department of Agriculture, Agricultural Research Service. 120 p.
- BOURDON, R.M. 1997. Understanding animal breeding. Prendice. Hall. New Jersey, USA. 523 pág.
- BRAVO, P.W.; GARNICA, J. y PUMA, G. 2009. Cria alpaca body weight and perinatal survival in relation to age of the dam. Animal Reproduction Science. 111: 214-219.
- BRAVO, W y VELASCO, J. 1983. Índice de herencia del peso al nacimiento, destete y la primera esquila en alpacas. Resúmenes VII Congreso Nacional de Ciencias Veterinarias. Ica, Perú.
- BREDA, F.C.; EUCLYDES, R.F. y PEREIRA, C.S. 2004. Endogamia e limite de seleção em populações selecionadas obtidas por simulação. Revista Brasileira de Zootecnia, 33(6): 2017-2025.
- BRENES, E.R.; MADRIGAL, K.; PEREZ, F. y VALLADARES, K. 2001. El clúster de los Camélidos en Perú: Diagnostico competitivo y recomendaciones estrategicas. Instituto Centroamericano de Administración de Empresas. <http://www.caf.com/attach/4/default/CamelidosPeru.pdf>.
- BUSTINZA, A.V.; BURFERING, P.J. y BLACKWELL, R.L. 1988. Factors affecting survival in young alpacas (*Lama pacos*). Journal Animal Science. 66: 1139-1143.

- BUSTINZA, V.; SAPANA, R. y MEDINA, G. 1985. Crecimiento de la fibra de alpaca durante el año. En. Memoria del. Proyecto Piel de Alpaca: Informe final. Universidad Nacional del Altiplano Puno - Perú. p. 115-120.
- BUSTINZA, V. 1968. Herencia del pelaje en alpacas. Tesis Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia. Universidad Técnica del Altiplano, Puno, Perú.
- CABALLERO, A. 1994. Developments in the prediction of effective population size. *Heredity*. 73: 657-679.
- CARABAÑO, M.J. 1995. Estima de componentes de varianza. 5° curso internacional sobre mejora genética animal. CIT-INIA. Madrid, España. 65 p.
- CARNEIRO, T.X.; GONÇALVES, E.C. y SCHNEIDER, M.P.C. 2007. Diversidade genética e eficiência de DNA microssatélites para o controle genealógico da raça Nelore. *Arquivo Brasileiro Medicina Veterinária Zootecnia*. 59:1257-1262.
- CARRILLO, J. y SIEWERDT, F. 2010. Consequences of long - term inbreeding accumulation on preweaning traits in a closed nucleus Angus herd. *Journal of Animal Science*. 88: 87 - 95.
- CERVANTES, I.; GOYACHE, F.; MOLINA, A.; VALERA, M, y GUTIÉRREZ, J.P. 2011. Estimation of effective population size from the rate of coancestry in pedigreed populations. *Journal Anim Breed Genet*,128:56–63.
- CERVANTES, I. 2008. Estructura Genética del caballo de Pura Raza Árabe Español y su influencia en razas derivadas: aplicación de nuevas metodologías en el cálculo del tamaño efectivo. Memoria de Tesis presentada para optar al Grado de Doctor con Mención Europea por la Universidad Complutense de Madrid. Madrid España.
- CERVANTES, I.; GOYACHE, F.; MOLINA, A.; VALERA, M. y GUTIÉRREZ, J.P. 2010. Estimation of effective population size from the rate of coancestry in pedigreed populations. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, in press.
- CHÁVEZ, J. 2013. Comunicación personal.

- CHÁVEZ, J. 1991. Mejoramiento genético de alpacas y llamas. En: Avances y perspectivas del conocimiento de los camélidos sudamericanos. Fernández-Baca, S. (ed). p 149-190. FAO. Santiago, Chile.
- CHEVERUD, J.M. 2003. Evolution in a genetically heritable social environment. Proc. Natl. Acad. Sci. USA 100:4357–4359.
- CLEVELAND, M.; BLACKBURN, H.; ENNS, M. y GARRICK, D. 2005. Changes in inbreeding of US Herefords during the twentieth century. Journal of Animal Science 83: 992 - 1001.
- CLEMENT, V.; BIBE, B.; VERRIER, E.; ELSÉN, J.M.; MANFREDI, E. y BOUIX, J. 2001. Simulation analysis to test the influence of model adequacy and data structure on the estimation of genetic parameters for traits with direct and maternal effects. Genet. Sel. Evol. 33: 369-395.
- DICKERSON, G.E. 1947. Composition of hog carcasses as influenced by heritable differences in rate and economy of gain. Iowa Agric. Exp. Stn. Res. Bull. 354:489–524.
- DOMÍNGUEZ, J.; RODRÍGUEZ, F.A.; NÚÑEZ, R.; RAMÍREZ, R.; ORTEGA, J.A. y RUÍZ, A. 2010. Análisis del pedigrí y efectos de la consanguinidad en el comportamiento del ganado de Lidia Mexicano. Arch. Zootec., 59: 63-72.
- ECHTERNKAMP, S.E. y GREGORY, K.E. 1999. Effects of twinning on gestation length, retained placenta, and dystocia. J. Anim. Sci. 77:39–47.
- ELZO, M. y VERGARA, O. 2012. Modelación aplicada a las ciencias animales: II Evaluaciones genéticas. Primera Edición. Fondo Editorial Biogenes. Universidad de Antioquia. Medellín Colombia. pp 11-12
- FAO, 2005. Situación actual de los camélidos sudamericanos en Perú. Organización de las Naciones Unidas para la Agricultura y la Alimentación, Roma, Italia. 62 pp.
- FALCONER, D.S. y MACKAY, T.F.C. 1996. Introducción a la Genética Cuantitativa. Longman Group Ltd. Cuarta Edición. England. 464 pág.

- FARIA, F.J.C. 2002. Estrutura genética das população zebuínas brasileiras registradas. Tese Doutorado. Escola de Veterinária, Universidade Federal de Minas Gerais, Belo Horizonte.
- FISHER, R.A. 1918. The correlation between relatives in the supposition on Mendelian inheritance. Royal Society (Edinburgh) Transactions. 52: 399-433.
- GALLEGOS, R.; HUANCA, T.; APAZA, N. y MAMANI, R. 2011. Color de fibra en alpacas (*Vicugna pacos*) del altiplano. Resúmenes de Congreso de la Asociación Latinoamericana de Especialistas en Pequeños Rumiantes y Camélidos Sudamericanos. Huancavelica- Perú.
- GANDARILLAS, H. 1971. Identificación preliminar de los genes involucrados en la herencia del color de las llamas y alpacas. Div. Invest. Agric. Estac. Exp. Patacamaya, Boliva, Bol. Exp. N° 19, La Paz, Bolivia, p. 29.
- GARMENDIA, A.E.; PALMER, G.H.; DE MARTINI, J.C. y McGUIRE, T.C. 1987. Failure of passive immunoglobulin transfer: a major determinant of mortality is newborn alpacas (*Lama pacos*). Am. J. Vet. Res. 48: 1472-1476
- GARNICA, J.; CHAVEZ, L. y BRAVO, P.W. 1992. Temperatura rectal y niveles de glucosa sanguínea en alpacas crías. Allpak'a 2, 29-33.
- GILMOUR, A.R.; THOMPSON, R.; CULLIS, B.R. y THOMPSON, R. 2006. Asreml User Guide Release 2.0 VSN International Ltd, Hemel Hempstead, HP11ES, UK.
- GIZAW, S.; KOMEN, H. y VAN ARENDONK, J.A.M. 2010. Participatory definition of breeding objectives and selection indexes for sheep breeding in tradicional systems. Livestock Science 168: 67 - 74.
- GODDARD, M.G. y SMITH, C. 1990. Optimum number of bull sires in dairy cattle breeding. Journal Dairy Science. Champaign. 3: 1113 - 1122.
- GOYACHE, F.; GUTIÉRREZ, J.P.; FERNÁNDEZ, I.; GÓMEZ, J.; ÁLVAREZ, I.; DIEZ, J. y ROYO, L.J. 2003. Using pedigree information to monitor genetic variability of endangered population: The Xalda sheep breed of Asturias as an example. J. Anim. Breed. Genet., 120: 95-103.

- GRASER, H.U.; SMITH, S.P. y TIER, B. 1987. A derivate-free approach for estimating variance components in animal models by restricted maximum likelihood. *J.Anim. Sci* 64:1362.
- GROENEVELD, E.; WESTHUIZEN, A.; MAIWASHE, F.; VOORDEWIND y FERRAZ, J.B.S. 2009. Poprep: a generic report for population management. *Genetics and Molecular Research* 8 (3): 1158-1178.
- GUTIÉRREZ, G. 2011. Valores estimados de los parámetros genéticos en poblaciones de alpacas. En: *Producción y tecnología en camélidos sudamericanos*. Universidad Nacional de Huancavelica. Páginas: 241-249.
- GUTIÉRREZ, J.P.; CERVANTES, I. y GOYACHE, F. 2009. Improving the estimation of realized effective population sizes in farm animals. *Journal Anim Breed Genet.* 126:327–332.
- GUTIERREZ, J.P. 2013. Comunicación personal.
- GUTIÉRREZ, J.P.; GOYACHE, F.; BURGOS, A. y CERVANTES, I. 2009. Genetic analysis of six production traits in Peruvian alpacas. *Livestock Science* 123: 193-197.
- GUTIÉRREZ, J.P. y GOYACHE, F. 2005. A note on ENDOG: a computer program for analysis pedigri information. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 122: 172-176.
- GUTIÉRREZ, J.P.; ALTARRIBA, J.; DÍAZ, C.; QUINTANILLA, R.; CAÑÓN, J. y PIEDRAFITA, J. 2003. Genetic analysis of eight Spanish beef cattle breeds. *Genet. Sel. Evol.*, 35, 43-64.
- HENDERSON, C.R. 1973. Sire evaluation and genetic trends. In *proceeding of the Animal Breeding and Genetics Symposium in Honour of Jay L. Lush*, pp. 10 -41. Champaign, Illinois: American Society of Animal Science and American Dairy Science Association.
- HENDERSON, C.R. 1976. A simple method for computing the inverse of a numerator relationship matrix used in prediction of breeding values. *Biometrics* 32, 69-82
- HILL, W.G. 1972. Effective size of populations with overlapping generations. *Theor Pop Biol.* 3:278–289.

- HUANCA, T.; APAZA, N. y GONZALES, M. 2007. Experiencia del INIA en el Fortalecimiento del Banco de Germoplasma de Camélidos Domésticos. Resúmenes Congreso Latinoamericano de Producción Animal. Cusco- Perú.
- JAMES, J.W. 1972. Computation of genetic contributions from pedigrees. *Theor. Appl. Genet.* 42: 272-273.
- JENKINS, M. 2003. Prospects for biodiversity. *Science* 302(5648):1175–1177.
- JURADO, J.J.; SERRANO, M.; PÉREZ-GUZMAN, M.D. y MONTORO, V. 1991. Improvements in the Manchega genetic breeding programme. *Cash. Opt. Medit.*, 133-141.
- KESSLER, J. 2008. Agro-Commodity Production Systems. *Ecosystems* 11:283-306.
- KIMURA, M. y CROW, J.F. 1963. The effective population number. *Evolution.* 17(3): 279-288.
- KOOTS, K.R.; GIBSON, J.P. y SMITH, C. 1994. Analysis of published genetic parameters estimates for beef production traits. *Animal Breeding Abstract.*62: 309-338.
- LACY, R.C. 1989. Analysis of founder representation in pedigrees: founders equivalents and founder genome equivalents. *Zoo Biology.* 8: 111-123.
- LAUVERGNE, J.J. ; RENIERI, C. y FRANK, E.N. 1995. Identification of some allelic series for coat colour in domestic camelids of Argentina. In: Gerken, M., Renieri, C. (Eds.), *Proceedings of the 2nd European Symposium on South American Camelids.* Camerino, pp. 39–50.
- LEÓN-VELARDE, C.U. y GUERRERO, J. 2001. Improving quantity and quality of alpaca fiber; using simulation model for breeding strategies. <http://inrm.cip.cgiar.org/home/publicat/01cpb023.pdf>.
- LEROY, G.; MARY-HUARD, T.; VERRIER, E.; DANVY, S.; CHARVOLIN, E. y DANCHIN-BURGE, C. 2013. Methods to estimate effective population size using pedigree data: Examples in dog, sheep, cattle and horse. *Genetics Selection Evolution* 45:1.

- LEWIS, R.M. y SIMM, G. 2000. Selection strategies in sire referencing schemes in sheep. *Livestock Production Science*, 67:129-141.
- LUSH, J. 1969. Bases para la selección animal. Buenos Aires: Ed. Agropecuarias Peri. 673 p.
- LUPTON, C.J.; McCOLL, A. y STOBART, R.H. 2006. Fiber characteristics of the Huacaya Alpaca. *Small Rumin. Res.* 64: 211-224.
- MAIGNEL, L.; BOICHARD, D. y VERRIER, E. 1996. Genetic variability of French dairy breeds estimated from pedigree information. *Interbull Bulletin*, 14, 49-54.
- MALÉCOT, G. 1948. *Les Mathématiques de l'Hérédité*. Masson et Cie, Paris.
- MAMANI-CATO, R.H.; HUANCA, T.; APAZA, N.; GONZALES, M.L.; SAPANA, R.; CARDENAS, O.; GALLEGOS, R.F. y GUTIERREZ, J.P. 2012. Estimación de parámetros genéticos para caracteres productivos de llamas Chaccu del INIA – Perú utilizando el método REML. Libro de Resúmenes VI Congreso Mundial de Camélidos Sudamericanos. Arica- Chile.
- MAMANI, G. 1995. Parámetros genéticos de peso vivo y peso de vellón en alpacas Huacaya de la puna húmeda de Puno. En Resúmenes XVIII Reunión Científica Anual de la Asociación Peruana de Producción Animal. (Lambayeque, Perú, 1995). p. 25-28.
- MAMANI, G. D. 2005. Estimación de repetibilidad y correlación fenotípica para peso vivo al nacimiento, destete y al año de edad en alpacas Huacaya de color en el CIP Quimsachata- Puno. Tesis de Médico Veterinario y Zootecnista. UNA. Puno, Perú. p. 23-32.
- MAMANI, R.H.; HUANCA, T.; GALLEGOS, R.F.; CONDORI, N.; CALSÍN, S.A. y BARRIONUEVO, L.H. 2011. Frecuencia de colores en alpacas Huacaya (*Vicugna pacos*) en la zona altoandina de Moquegua – Perú. XXXIV Reunión Anual de la Asociación Peruana de Producción Animal. Trujillo – Perú.
- MAQUERA, L.A. 1996. Estimación de algunos parámetros genéticos y fenotípicos en alpacas de raza Huacaya. Tesis pregrado para obtener el Título de Médico Veterinario y Zootecnista. Universidad Nacional del Altiplano.

- MAXA, J.; SHRIFI, A.R.; PEDERSEN, J.; GAULY, M.; SIMIANER, H. y NORGERG, E. 2009. Genetic parameters and factors influencing survival to twentyfour hours after birth in Danish meat sheep breeds. *J. Anim. Sci.* 87:1888–1895.
- Mc CLUER, J.; BOYCE, A.; DYKE, B.; WEITKAMP, L.; PFENNING, W. y PARSONS, J. 1983. Inbreeding and Pedigree Structure in Standard bred Horses. *J. Hered.*, 74: 394-399.
- Mc PARLAND, S.; KEARNEY, J.F.; MACHUGH, D.E. y BERRY, D.P. 2008. Inbreeding effects on postweaning production traits, conformation, and calving performance in Irish beef cattle. *Journal of Animal Science*, Champaign, 85: 3338-3347.
- MEUWISSEN, T.I. y LUO, Z. 1992. Computing inbreeding coefficients in large populations, *Genet Sel Evol* 24: 305-313.
- MEYER, K. 1998. DFREML. What is it?. University of New England. Armidale, Australia. 19.p
- MEYER, K. 1993. DFREML version 2.1. User notes. University of New England. Armidale, Australia. 27.p
- MONTENEGRO, V. 2010. Mecanismos de herencia y parámetros genéticos de caracteres ligados a la producción de fibra en alpacas. Sistema de Revisiones en Investigación Veterinaria de San Marcos. Facultad de Medicina Veterinaria, Universidad Nacional Mayor de San Marcos. En http://veterinaria.unmsm.edu.pe/lista_produccion_animal.html
- MORANTE, R.; GOYACHE, F.; BURGOS, A.; CERVANTES, I.; PÉREZ-CABAL, M.A. y GUTIÉRREZ, J.P. 2009. Genetic improvement for alpaca fibre production in the Peruvian Altiplano: the Pacamarca experience. *Anim. Genet. Resour. Informat.* 45: 37-43.
- MRODE, R.A. 2005. Linear models for the prediction of animal breeding values. Second Edition. CABI Publishing.
- OLDENBROEK, J.K. 1998. Genebanks and the conservation of the farm animal genetic resources. ID-DLO, Lelystad.

- OLIVEIRA, P.S. 2009. Estrutura populacional e tendência genética de características de crescimento e adaptação de bovinos de raça Nelore, linhagem Lemgruber. Tese Mestrado. Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos, Universidade de São Paulo, Pirassununga.
- OLLIVIER, L. 1981. *Éléments de génétique quantitative*. INRA et Masson, Paris, pp: 152.
- ORIA, I.; QUICANÑO, I.; QUISPE, E. y ALFONSO, L. 2009. Variabilidad del color de la fibra de alpaca en la zona altoandina de Huancavelica-Perú. ITEA. *Animal Genetic Resources Information*, 45: 79-84.
- PEREZ-CABAL, M.A.; CERVANTES, I.; MORANTE, R.; BURGOS, A.; GOYACHE, F. y GUTIERREZ, J.P. 2010. Analysis of the existence of major genes affecting alpaca fiber traits. *Animal Science*. 88:3783-3788.
- PIRCHNER, F. 1985. Genetic structure of population. 1. Closed populations or matings among related individuals. In: Chapman, A. B. (ed.), *General and Quantitative Genetics*. World Animal Science A4 Elsevier, Amsterdam, The Netherlands.
- QUINTINO DE OLIVEIRA, H. 2010. Estudo da estrutura genética populacional e dos efeitos do programa de melhoramento genético em um rebanho Nelore. Tese Doutorado em Zootecnia. Universidad de Sao Paulo.
- QUISOCALA, J. 1991. Glucosa en el último tercio de gestación y efecto sobre la supervivencia de la vida perinatal de la alpaca. Médico Veterinario y Zootecnista Tesis. Universidad Nacional del Altiplano. Puno, Perú, 56 pp.
- QUISPE, E.C. y ALFONSO, L. 2007. Metodologías para estimar los valores de cría (VCE): Aplicaciones para el mejoramiento genético de alpacas. Ediciones UNH. Huancavelica - Perú, 296 pág.
- QUISPE, E.C.; RODRÍGUEZ, T.C.; IÑIGUEZ, L.R. y MUELLER, J.P., 2009. Producción de fibra de alpaca, llama, vicuña y guanaco en Sudamérica. *Animal Genetic Resources Information*. 45: 1–14.
- QUISPE, E. 2010. Estimación del progreso genético de seis esquemas de selección en alpacas (*Vicugna pacos* L.) huacaya con tres modelos de evaluación en la región altoandina de

Huancavelica. Tesis para optar el título de Doctoris Philosophiae. Universidad Nacional Agraria la Molina de Lima.

R CORE TEAM. 2012. R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. ISBN 3-900051-07-0, URL <http://www.R-project.org/>.

RENDEL, J.M. y ROBERTSON, A. 1950. Estimation of genetic gain in milk yield by selection in a closed herd of dairy cattle. *Journal of Genetics*, Bangalore, 50: 1-8.

RENIERI, C.; ANTONINI, M. y FRANK, E. 2004. Fibre recording systems in camelids. In: Current status of genetic resources, recording and production systems in African, Asian and American Camelids. ICAR Technical Series 11: 131-141.

RUIZ DE CASTILLA, M.; ALAGÓN, G. y QUIRITA, C.R. 1992. Estudio de parámetros genéticos en alpacas Huacaya. En: Informe de trabajos de investigación en alpacas y llamas de color, 2:1-29.

SATOH, M. 2006. Recents advances in animal breeding theory. *Special Reviews. JIFS*, 3: 35-52.

SCHMIDT, C.R. 2006. The European Endangered Species Programme (EEP) for vicunas. En: Gerken M. y Renieri C. 2006. South American Camelids research. Volumen I. 4th European Symposium on South American Camelids/DECAMA European Seminar, Gottingen, Alemania. 65-74.

SEGURA, J.C. y MONTES, R.C. 2001. Razones y Estrategias para la Conservación de los Recursos Genéticos Animales. *Rev Biomed* 12:196-206

SILVA, P. 2009. Estrutura populacional e tendência genética de características de crescimento e adaptação de bovinos da raça Nelore, linhagem Lembrugen. Dissertação para a obtenção do título da Tese do Mestre em Zootecnia. Universidade de São Paulo.

SPIKE, P. 2009. Applied Animal Breeding. Laboratory Manual. 1ra ed. Iowa: Animal Science Department. Iowa State University. 268 p.

THOMAS, C.; CAMERON, A.; GREEN, R.; BAKKENES, M.; BEAUMONT, L.J.; COLLINGHAM, Y.C.; ERASMUS, B.; DE SIQUEIRA, M.; GRAINGER, A.;

- HANNAH, L.; HUGHES, L.; HUNTLEY, B.; VAN JAARVELD, A.; MIDGLEY, G.; MILES, L.; ORTEGA HUERTA, M.; PETERSON, A.; PHILLIPS, O. y WILLIAMS, S.E. 2004. Extinction risk from climate change. *Nature* 427:145–148.
- THOMPSON, R. 2008. Estimation of quantitative genetic parameters. *Proc. R. Soc. B* 275: 679-686.
- TORO, M.A.; CABALLERO, A. y FERNÁNDEZ, J. 2008. Mejora genética y gestión de poblaciones pequeñas. *Revista ITEA* Vol. 104 (2): 268-282.
- TORO, M.A. y CABALLERO, A. 2005. Characterization and conservation of genetic diversity in subdivided populations. *Phil. Trans. R. Soc.* 360: 1367 – 1378.
- TRILLO, F. y GUTIERREZ, G. 2011. Parámetros fenotípicos y genéticos de alpacas Huacaya en Cerro de Pasco. En *Resumen de Reunión Anual de la Asociación Peruana de Producción Animal*. Trujillo - Perú.
- VALERA, M.; MOLINA, A. y PIRES, L. 1999. Importância do livro de genealógico na conservação de linhas, estirpes e raças eqüinas. *Rev. Port. Ciên. Vet.*, Abril/Junho 1999.
- VELASCO, J.M.; CONDORENA, N.A.; NOVOA, C.M.; SUMAR, J.K. y FRANCO, E. 1978a. Herencia de colores en alpacas. *Centro de Investigación IVITA*, pp. 1–3.
- VELASCO, J.M., CONDORENA, N.A., NOVOA, C.M., SUMAR, J.K., FRANCO, E. y 1978b. Herencia del color y tipo de fibra en alpacas. *Resúmenes de Proyectos de Investigación (1975–1979)*. UNMSM, tomo II, pp. 1–127.
- VILELA, J. y ASPARRIN, M. 2012. Estimación de coeficientes de consanguinidad en una población de alpacas. *Libro de Resúmenes VI Congreso Mundial de Camélidos Sudamericanos*. Arica – Chile. p. 141.
- VILELA, J. y ASPARRIN, M. 2013. Evaluación del intervalo generacional de una población de alpacas Huacaya y Suri en Puno, Perú. *Memorias VIII Congreso Latinoamericano de Especialistas en Pequeños Rumiantes y Camélidos Sudamericanos*. Mato Grosso do Sul – Brasil. p.122-125.

- WANG, X.; WANG, L. y LIU, X. 2003. The quality and processing performance of alpaca fibres: A report for the rural industries research and development corporation. RIIDC Publication N. 03/128. Australia. 132 pág.
- WHEELER, J. 2004. Evolution and present situation of the South American Camelidae. *Biology Journal Society* 54:271-295.
- WILLHAM, R. L. 1963. The covariance between relatives for characters composed of components contributed by related individuals. *Biometrics* 19:18-27.
- WRIGHT, S. 1931. Evolution in Mendelian populations. 16: 97-159.
- WRIGHT, S. 1922. Coefficient of inbreeding and relationship. *Am. Nat.*, 56, 330-338.
- WRIGHT, S. 1977. Evolution and the genetics of populations. Vol. 3: Results and Evolutionary. Deductions. The University of Chicago Press. Chicago.
- WULJI, T.; DAVIS, G.H.; DODDS, K.G.; TURNER, P.R.; ANDREWS, R.N. y BRUCE, G.D. 2000. Production performance, repeatability and heritability estimates for live weight, fleece weight and fiber characteristics of alpacas in New Zealand. *Small Rumin. Res.* 37: 189-201.
- WURZINGER, M.; WILLAM, A.; DELGADO, J.; NÜRNBERG, M.; ZÁRATE, A.; STEMMER, A.; UGARTE, G. y SÖLKNER, J. 2008. Design of a village breeding programme for a llama population in the High Andes of Bolivia. *J. Anim. Bred. Genetic.* 125:311-319.
- WYK, J. VAN; FAIR, M. y CLOETE, S. 2003. Revised models and genetics parameter estimates for production and reproduction traits in the Elsenburg Dormer sheep stud. *S. Afr. Journal Animal Science.* 33 (4): 231-222.

VIII. ANEXO

ANEXO 1: Archivo de genealogía y de fenotipo de alpacas de Quimsachata (parte inicial)

O A R N U E A L	A Ñ O	ID							MADRE					PADRE					
		A R E T E	N A C I M I E N T O	R A Z A	C O L O R	S E X O	N A C I M I E N T O	O B S	A R E T E	N A C I M I E N T O	R A Z A	C O L O R	S E X O	O B S	A R E T E	N A C I M I E N T O	R A Z A	C O L O R	S E X O
01	1998	11097	17/11/1997	HY	LF	H	7.0		357	01/01/1995	HY	AP	H						
02	1998	21097	17/11/1997	HY	CA	H	5.0		301	01/01/1995	HY	GR	H						
03	1998	31097	17/11/1997	SY	CO	M	5.0		305	01/01/1995	HY	CA	H						
04	1998	41097	17/11/1997	HY	CA	H	5.0		323	01/01/1995	HY	CA	H						
05	1998	51097	17/11/1997	HY	BL	H	5.5		337	01/01/1995	SY	CA	H						
06	1998	61097	17/11/1997	HY	NE	M	6.5		296	01/01/1995	HY	CA	H						
07	1998	71197	17/11/1997	HY	GR	H	6.0		304	01/01/1995	SY	GR	H						
08	1998	81197	17/11/1997	HY	NE	H	5.5		137292	01/01/1995	HY	NE	H						
09	1998	91197	17/11/1997	HY	CO	M	6.0		135	01/01/1995	HY	NE	H						
10	1998	101197	17/11/1997	HY	CC	H	6.0		352	01/01/1995	SY	GR	H						
11	1998	111197	17/11/1997	HY	CA	M	7.0		66195	01/01/1995	HY	CA	H						
12	1998	121197	17/11/1997	HY	BL	M	6.0		340	01/01/1995	HY	GR	H						
13	1998	131197	22/11/1997	HY	CO	M	8.5		836	01/01/1995	HY	CC	H						
14	1998	141197	27/11/1997	HY	BL	H	6.5		288	01/01/1995	HY	CA	H						
15	1998	151197	28/11/1997	HY	NE	H	6.0		142	01/01/1995	HY	NE	H						
16	1998	161297	02/12/1997	HY	BL	H	8.0		1530289	01/01/1995	HY	BL	H						
17	1998	171297	03/12/1997	HY	BL	H	8.8		561	01/01/1995	HY	CR	H						
18	1998	181297	04/12/1997	HY	BL	M	6.0		3651	01/01/1995	HY	CO	H						
19	1998	191297	05/12/1997	HY	LF	M	8.0		199392	01/01/1995	HY	BL	H						
20	1998	201297	06/12/1997	HY	NE	H	7.5		238390	01/01/1995	SY	NE	H						
21	1998	211297	07/12/1997	HY	CA	H	6.5		169193	01/01/1995	HY	CA	H						
22	1998	221297	08/12/1997	HY	BL	H	6.0		199295	01/01/1995	HY	CC	H						
23	1998	231297	11/12/1997	SY	CC	H	6.0		671941	01/01/1995	HY	CC	H						
24	1998	241297	11/12/1997	HY	CC	M	5.0		225295	01/01/1995	HY	CC	H						
25	1998	251297	11/12/1997	HY	BL	H	6.0		6195	01/01/1995	HY	BL	H						
26	1998	261297	12/12/1997	HY	CO	H	5.0		234295	01/01/1995	HY	CO	H						
27	1998	271297	12/12/1997	HY	LF	H	7.8		161295	01/01/1995	HY	LF	H						
28	1998	281297	13/12/1997	SY	CO	M	5.0		3061	01/01/1995	SY	NE	H						
29	1998	291297	13/12/1997	HY	CC	M	6.0		127295	01/01/1995	HY	LF	H						
30	1998	301297	13/12/1997	HY	BL	M	6.5		731	01/01/1995	HY	BL	H						
31	1998	311297	13/12/1997	HY	BL	H	5.5		905	01/01/1995	HY	BL	H						
32	1998	321297	14/12/1997	HY	AP	H	5.0		292295	01/01/1995	HY	LF	H						
33	1998	331297	14/12/1997	HY	BL	H	6.0		71941	01/01/1995	HY	BL	H						
34	1998	341297	15/12/1997	HY	LF	M	5.0		20195	01/01/1995	HY	LF	H						
35	1998	351297	16/12/1997	HY	CO	H	7.5		13195	01/01/1995	HY	CO	H						
36	1998	361297	17/12/1997	SY	CA	M	5.0		518	01/01/1995	SY	CA	H						
37	1998	371297	18/12/1997	HY	LF	M	6.0		1551	01/01/1995	HY	CC	H						
38	1998	381297	19/12/1997	SY	BL	M	6.5		85295	01/01/1995	SY	LF	H						
39	1998	391297	21/12/1997	HY	CA	M	5.0		23195	01/01/1995	HY	CA	H						
40	1998	401297	22/12/1997	HY	CC	M	6.5		118295	01/01/1995	HY	CA	H						
41	1998	411297	23/12/1997	HY	CA	M	7.0		214295	01/01/1995	HY	BL	H						
42	1998	421297	23/12/1997	HY	BL	M	7.0		118	01/01/1995	HY	LF	H						
43	1998	431297	24/12/1997	HY	CA	M	6.0		354395	01/01/1995	HY	CA	H						
44	1998	441297	24/12/1997	HY	GR	M	6.5		362	01/01/1995	HY	NE	H						
45	1998	451297	24/12/1997	HY	LF	H	6.0		841	01/01/1995	HY	CC	H						
46	1998	461297	25/12/1997	HY	BL	M	7.0		310295	01/01/1995	HY	BL	H						
47	1998	471297	25/12/1997	HY	CA	M	6.0		179392	01/01/1995	HY	LF	H						
48	1998	481297	25/12/1997	HY	CO	H	7.0		44189	01/01/1995	HY	CA	H						
49	1998	491297	26/12/1997	HY	BL	M	6.5		57	01/01/1995	HY	BL	H						
50	1998	501297	28/12/1997	HY	CA	M	7.0		76292	01/01/1995	HY	CA	H						
51	1998	511297	28/12/1997	HY	CA	H	6.0												
52	1998	521297	29/12/1997	SY	CA	H	6.0		1280289	01/01/1995	SY	LF	H						
53	1998	531297	30/12/1997	HY	AP	M	6.8		100295	01/01/1995	HY	AP	H						
54	1998	541297	31/12/1997	HY	NE	H	6.0		1172951	01/01/1995	HY	LF	H						
55	1998	551297	31/12/1997	SY	CA	M	6.0		313	01/01/1995	HY	CA	H						
56	1998	56198	01/01/1998	HY	CO	M	6.0		281295	01/01/1995	HY	CA	H						
57	1998	57198	01/01/1998	HY	NE	H	5.0		62195	01/01/1995	HY	CA	H						
58	1998	58198	02/01/1998	HY	GR	H	5.0		3471	01/01/1995	HY	GR	H						
59	1998	59198	02/01/1998	SY	LF	H	6.0		299	01/01/1995	SY	CR	H						
60	1998	60198	02/01/1998	HY	BL	M	6.0		331395	01/01/1995	SY	LF	H						

ANEXO 2: Archivo de genealogía y de fenotipo de alpacas de Quimsachata (parte final)

6578	2012	325212	28/02/2012	HY	CC	H	7.0		79105	01/01/2009	HY	LF	H					
6579	2012	326212	28/02/2012	HY	BL	H	5.0		110106	01/01/2009	HY	BL	H		402	01/01/2008	HY	BL
6580	2012	327212	28/02/2012	HY	CO	M	6.5		352209	01/01/2009	HY	CR	H		227204	01/01/2008	HY	NE
6581	2012	328212	28/02/2012	HY	CA	H	6.0		402302	01/01/2009	HY	CA	H					
6582	2012	329212	28/02/2012	HY	BL	M	5.5		70061	01/01/2009	HY	BL	H		1306	01/01/2008	HY	BL
6583	2012	330212	28/02/2012	HY	BL	H	4.5		71109	01/01/2009	HY	BL	H					
6584	2012	331212	28/02/2012	SY	CA	M	6.5		215206	01/01/2009	SY	CA	H					
6585	2012	332212	29/02/2012	SY	BL	M	5.0		39109	01/01/2009	SY	BL	H					
6586	2012	333212	29/02/2012	HY	CO	M	7.5		253204	01/01/2009	HY	NE	H		12	01/01/2008	HY	NE
6587	2012	334212	29/02/2012	HY	NE	H	4.5		359209	01/01/2009	HY	NE	H					
6588	2012	335212	29/02/2012	HY	BL	M	5.5		49104	01/01/2009	HY	BL	H		4006	01/01/2008	HY	BL
6589	2012	336212	29/02/2012	HY	CA	H	8.0		233204	01/01/2009	HY	CA	H		375	01/01/2008	HY	CA
6590	2012	337212	29/02/2012	HY	NE	M	6.0		304206	01/01/2009	HY	NE	H		227204	01/01/2008	HY	NE
6591	2012	338212	29/02/2012	SY	BL	H	4.0		52209	01/01/2009	SY	BL	H					
6592	2012	339212	29/02/2012	HY	NE	H	6.0		394308	01/01/2009	HY	NE	H		54105	01/01/2008	HY	NE
6593	2012	340212	29/02/2012	HY	BL	H	4.5		186203	01/01/2009	HY	BL	H					
6594	2012	341312	01/03/2012	HY	BL	M	7		9406	01/01/2009	HY	BL	H		207	01/01/2008	HY	BL
6595	2012	342312	01/03/2012	HY	CA	H	5.5		141104	01/01/2009	HY	CA	H					
6596	2012	343312	01/03/2012	SY	BL	H	7.5		147107	01/01/2009	SY	BL	H		339204	01/01/2008	SY	BL
6597	2012	344312	02/03/2012	HY	BL	H	6		11706	01/01/2009	HY	BL	H		402	01/01/2008	HY	BL
6598	2012	345312	02/03/2012	SY	BL	H	7.5		1104	01/01/2009	SY	BL	H		339204	01/01/2008	SY	BL
6599	2012	346312	03/03/2012	HY	CC	M	6		375207	01/01/2009	HY	CC	H					
6600	2012	347312	04/03/2012	HY	NE	M	7.5		184207	01/01/2009	HY	NE	H		426207	01/01/2008	HY	NE
6601	2012	348312	04/03/2012	HY	CA	H	7.5		435207	01/01/2009	HY	CA	H		350204	01/01/2008	HY	CA
6602	2012	349312	04/03/2012	HY	LF	M	8		365205	01/01/2009	SY	BL	H		3	01/01/2008	SY	BL
6603	2012	350312	04/03/2012	HY	BL	M	7		8906	01/01/2009	HY	BL	H		8006	01/01/2008	HY	BL
6604	2012	351312	05/03/2012	HY	NE	M	8.5		248204	01/01/2009	HY	NE	H					
6605	2012	352312	05/03/2012	SY	NE	H	7.5		233203	01/01/2009	SY	NE	H		189106	01/01/2008	SY	NE
6606	2012	353312	06/03/2012	HY	CR	H	8		152104	01/01/2009	HY	CR	H		10	01/01/2008	HY	CO
6607	2012	354312	06/03/2012	HY	CA	H	8		98204	01/01/2009	HY	CA	H					
6608	2012	355312	06/03/2012	HY	CA	H	7		199105	01/01/2009	HY	CA	H		369204	01/01/2008	HY	CA
6609	2012	356312	07/03/2012	HY	NE	M	5		22100	01/01/2009	SY	NE	H					
6610	2012	357312	07/03/2012	HY	NE	M	6.5		261208	01/01/2009	HY	NE	H		120104	01/01/2008	SY	NE
6611	2012	358312	07/03/2012	HY	NE	H	6		203103	01/01/2009	HY	CO	H					
6612	2012	359312	08/03/2012	HY	CR	H	5.5		401304	01/01/2009	HY	CR	H		12104	01/01/2008	HY	CA
6613	2012	360312	08/03/2012	HY	CR	H	5.5		31107	01/01/2009	HY	CR	H		198103	01/01/2008	HY	CR
6614	2012	361312	09/03/2012	HY	CR	H	6		428207	01/01/2009	HY	CR	H		350204	01/01/2008	HY	CA
6615	2012	362312	09/03/2012	SY	CO	H	6											
6616	2012	363312	09/03/2012	SY	BL	M	5		185104	01/01/2009	SY	BL	H		5075	01/01/2008	SY	BL
6617	2012	364312	10/03/2012	HY	BL	H	6.5		328207	01/01/2009	HY	BL	H		3006	01/01/2008	HY	BL
6618	2012	365312	11/03/2012	HY	BL	M	7		907	01/01/2009	HY	BL	H		307	01/01/2008	HY	BL
6619	2012	366312	11/03/2012	HY	CA	H	8											
6620	2012	367312	12/03/2012	HY	CA	H	7		385204	01/01/2009	HY	CA	H		270207	01/01/2008	HY	CA
6621	2012	368312	13/03/2012	HY	NE	M	6		155105	01/01/2009	HY	NE	H		161106	01/01/2008	HY	NE
6622	2012	369312	13/03/2012	SY	BL	M	7		131105	01/01/2009	HY	CA	H					
6623	2012	370312	13/03/2012	SY	LF	H	6		310204	01/01/2009	SY	LF	H		406203	01/01/2008	SY	LF
6624	2012	371312	13/03/2012	HY	CR	M	5		174209	01/01/2009	HY	LF	H					
6625	2012	372312	13/03/2012	HY	LF	M	5.5		457307	01/01/2009	HY	LF	H					
6626	2012	373312	13/03/2012	HY	BL	H	6.5		31106	01/01/2009	HY	BL	H		207	01/01/2008	HY	BL
6627	2012	374312	13/03/2012	HY	BL	H	5		294207	01/01/2009	HY	BL	H					
6628	2012	375312	13/03/2012	HY	NE	M	6		106103	01/01/2009	HY	NE	H		185207	01/01/2008	HY	NE
6629	2012	376312	13/03/2012	HY	AP	H	5.5		441207	01/01/2009	HY	CA	H		419205	01/01/2008	HY	AP
6630	2012	377312	14/03/2012	HY	CA	M	6		308204	01/01/2009	HY	CA	H		372	01/01/2008	HY	CA
6631	2012	378312	14/03/2012	HY	BL	M	6.5		3606	01/01/2009	HY	BL	H		2006	01/01/2008	HY	BL
6632	2012	379312	14/03/2012	HY	CC	M	4.5		104109	01/01/2009	HY	BL	H					
6633	2012	380312	14/03/2012	HY	BL	M	6.5		5406	01/01/2009	HY	BL	H		1006	01/01/2008	HY	BL
6634	2012	381312	15/03/2012	SY	NE	H	7		346207	01/01/2009	SY	NE	H		184106	01/01/2008	SY	NE
6635	2012	382312	16/03/2012	HY	CC	M	5		372207	01/01/2009	HY	CR	H		12104	01/01/2008	HY	CA
6636	2012	383312	18/03/2012	HY	NE	M	7		344	01/01/2009	HY	GR	H		184106	01/01/2008	HY	GR
6637	2012	384312	18/03/2012	HY	BL	H	6		8106	01/01/2009	HY	BL	H		9006	01/01/2008	HY	BL

ANEXO 3: Archivo de ingreso de datos para el programa Endog v4.8.

ID	ID_FATHER	ID_MOTHER	BIRTH_DATE	SEX	S	alive	cod_alive	AREA	REFERENCE
11097	0	357	17/11/1997	female	2			7	0
21097	0	301	17/11/1997	female	2			7	0
31097	0	305	17/11/1997	male	1			4	0
41097	0	323	17/11/1997	female	2			7	0
51097	0	337	17/11/1997	female	2			5	0
61097	0	296	17/11/1997	male	1			3	0
71197	0	304	17/11/1997	female	2			1	0
81197	0	137292	17/11/1997	female	2			3	0
91197	0	135	17/11/1997	male	1			3	0
101197	0	352	17/11/1997	female	2			7	0
111197	0	66195	17/11/1997	male	1			7	0
121197	0	340	17/11/1997	male	1			5	0
131197	0	836	22/11/1997	male	1			3	0
141197	0	288	27/11/1997	female	2			5	0
151197	0	142	28/11/1997	female	2			3	0
161297	0	1530289	02/12/1997	female	2			5	0
171297	0	561	03/12/1997	female	2			5	0
181297	0	3651	04/12/1997	male	1			5	0
191297	0	199392	05/12/1997	male	1			7	0
201297	0	238390	06/12/1997	female	2			3	0
211297	0	169193	07/12/1997	female	2			7	0
221297	0	199295	08/12/1997	female	2			5	0
231297	0	671941	11/12/1997	female	2			8	0
241297	0	225295	11/12/1997	male	1			7	0
251297	0	6195	11/12/1997	female	2			5	0
261297	0	234295	12/12/1997	female	2			3	0
271297	0	161295	12/12/1997	female	2			7	0
281297	0	3061	13/12/1997	male	1			4	0
291297	0	127295	13/12/1997	male	1			7	0
301297	0	731	13/12/1997	male	1			5	0
311297	0	905	13/12/1997	female	2			5	0
321297	0	292295	14/12/1997	female	2			1	0
331297	0	71941	14/12/1997	female	2			5	0
341297	0	20195	15/12/1997	male	1			7	0
351297	0	13195	16/12/1997	female	2			3	0
361297	0	518	17/12/1997	male	1			8	0
371297	0	1551	18/12/1997	male	1			7	0
381297	0	85295	19/12/1997	male	1			6	0
391297	0	23195	21/12/1997	male	1			7	0
401297	0	118295	22/12/1997	male	1			7	0
411297	0	214295	23/12/1997	male	1			7	0
421297	0	118	23/12/1997	male	1			5	0
431297	0	354395	24/12/1997	male	1			7	0
441297	0	362	24/12/1997	male	1			1	0
451297	0	841	24/12/1997	female	2			7	0
461297	0	310295	25/12/1997	male	1			5	0

ANEXO 4: Resultados de parámetros de estructura poblacional obtenidos con el programa Endog v4.8.

Population Statistics on Average Inbreeding (No response)

Mean Inbreeding by Maximum Generations						
Generation	Nº Animals	Mean F	% Inbred	Average F for inbred	Mean Aver. Relat.	Eff. Pop. Size
0	2007	0.00%			0.04%	
1	3078	0.00%			0.07%	
2	2114	0.05%	0.28%	18.75%	0.12%	939.5
3	1084	0.17%	1.57%	11.03%	0.15%	417.3
4	155	0.18%	1.94%	9.38%	0.16%	5885.2
5	4	0.00%			0.15%	

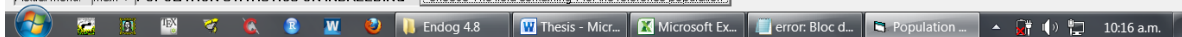
Mean Inbreeding by Complete Generations						
Generation	Nº Animals	Mean F	% Inbred	Average F for inbred	Mean Aver. Relat.	Eff. Pop. Size
0	4312	0.00%			0.04%	
1	3843	0.04%	0.29%	15.06%	0.13%	1160.1
2	287	0.57%	5.23%	10.83%	0.21%	95.5

RESULTS RESUME ON THE REFERENCE POPULATION:
 Field REFERENCE = 1
 Effective Population Size computed via individual increase in inbreeding = 124.0643
 s.d. = 54.1829
 Nº individuals = 377
 Effective Population Size computed via regression on equivalent generations = 54.6359
 Effective size obtained from Log regression on equivalent generations: 50.48

Back

0.0 % computed of 820800 coancestries.

Actual Menu: Main -> POPULATION STATISTICS ON INBREEDING [Choose The field containing 1 for the reference population]



Population Statistics on Average Inbreeding

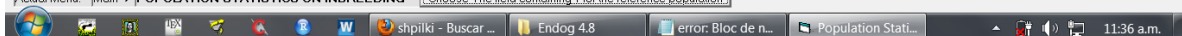
Mean Inbreeding by Maximum Generations						
Generation	Nº Animals	Mean F	% Inbred	Average F for inbred	Mean Aver. Relat.	Eff. Pop. Size
0	2007	0.00%			0.04%	
1	3078	0.00%			0.07%	
2	2114	0.05%	0.28%	18.75%	0.12%	939.5
3	1084	0.17%	1.57%	11.03%	0.15%	417.3
4	155	0.18%	1.94%	9.38%	0.16%	5885.2
5	4	0.00%			0.15%	

Mean Inbreeding by Complete Generations						
Generation	Nº Animals	Mean F	% Inbred	Average F for inbred	Mean Aver. Relat.	Eff. Pop. Size
0	4312	0.00%			0.04%	
1	3843	0.04%	0.29%	15.06%	0.13%	1160.1
2	287	0.57%	5.23%	10.83%	0.21%	95.5

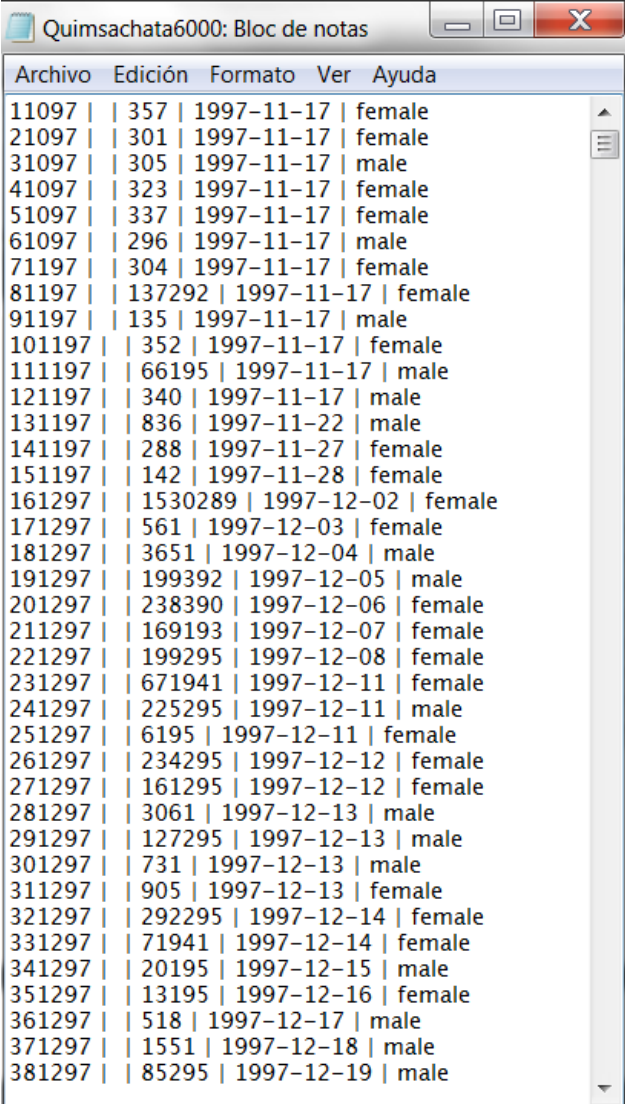
RESULTS RESUME ON THE REFERENCE POPULATION:
 Field REFERENCE = 1
 Effective Population Size computed via individual increase in inbreeding = 124.0643
 s.d. = 54.1829
 Nº individuals = 377
 Effective Population Size computed via regression on equivalent generations = 54.6359
 Effective size obtained from Log regression on equivalent generations: 50.48
 Effective Population Size computed via individual increase in coancestry = 554.4911 s.d. = 12.5672
 Nº coancestries = 820800
 Effective Population Size computed via regression on equivalent generations = 54.6359
 Equivalent Subpopulations = 4.4894 s.d. = 1.9546

Back

Actual Menu: Main -> POPULATION STATISTICS ON INBREEDING [Choose The field containing 1 for the reference population]



ANEXO 5: Archivo de ingreso de datos al programa Poprep.



Archivo	Edición	Formato	Ver	Ayuda		
11097		357		1997-11-17		female
21097		301		1997-11-17		female
31097		305		1997-11-17		male
41097		323		1997-11-17		female
51097		337		1997-11-17		female
61097		296		1997-11-17		male
71197		304		1997-11-17		female
81197		137292		1997-11-17		female
91197		135		1997-11-17		male
101197		352		1997-11-17		female
111197		66195		1997-11-17		male
121197		340		1997-11-17		male
131197		836		1997-11-22		male
141197		288		1997-11-27		female
151197		142		1997-11-28		female
161297		1530289		1997-12-02		female
171297		561		1997-12-03		female
181297		3651		1997-12-04		male
191297		199392		1997-12-05		male
201297		238390		1997-12-06		female
211297		169193		1997-12-07		female
221297		199295		1997-12-08		female
231297		671941		1997-12-11		female
241297		225295		1997-12-11		male
251297		6195		1997-12-11		female
261297		234295		1997-12-12		female
271297		161295		1997-12-12		female
281297		3061		1997-12-13		male
291297		127295		1997-12-13		male
301297		731		1997-12-13		male
311297		905		1997-12-13		female
321297		292295		1997-12-14		female
331297		71941		1997-12-14		female
341297		20195		1997-12-15		male
351297		13195		1997-12-16		female
361297		518		1997-12-17		male
371297		1551		1997-12-18		male
381297		85295		1997-12-19		male

ANEXO 6: Programa Poprep para el análisis genealógico.

FRIEDRICH-LOEFFLER-INSTITUT
1810-2010 100 JAHRE
FLI
Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit
Federal Research Institute for Animal Health

Homepage About Us Documentation Sample Data

POPREP

from population pedigree to reports

NEWS & EVENTS

Publication
PopRep publication at GMR
(Genetics and Molecular Research)

WCGALP 2010
PopRep poster at the 9th World
Congress on Genetics Applied to
Livestock Production

PopRep Bug Fixes
last change at July 26, 2012

DATA INPUT:

Breed: *

Code: * Male Female

Date Format: *

Date Separator: *

Email: *

Pedigree file: *

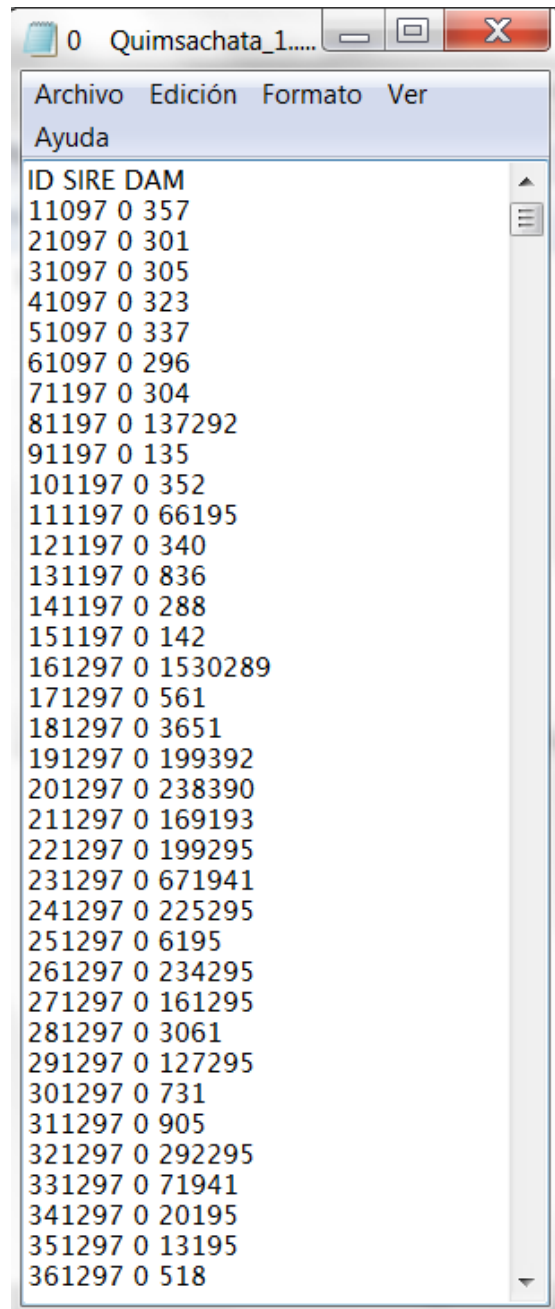
OUTPUT SELECTION:

+ Want a population structure report (PDF)? (yes)
+ Want an inbreeding report (PDF)? (yes)
+ Want data files for postprocessing (ZIP)? yes no

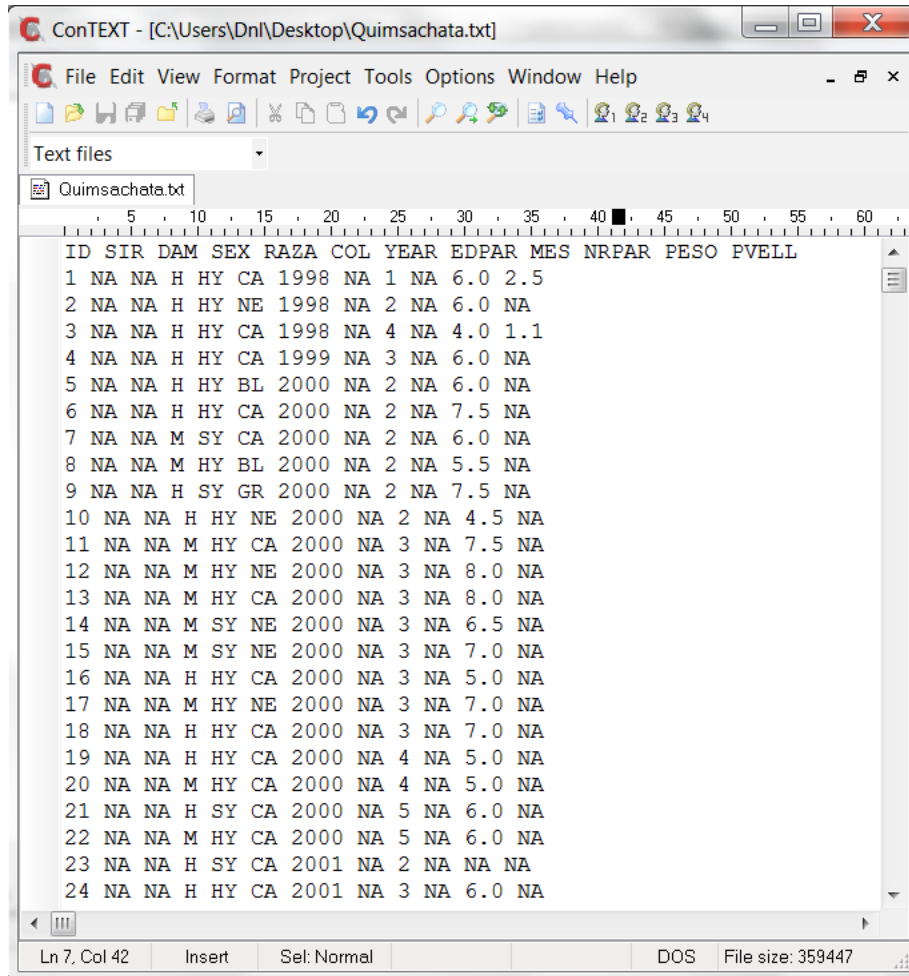
OPTIONAL INFORMATION:

Your name:

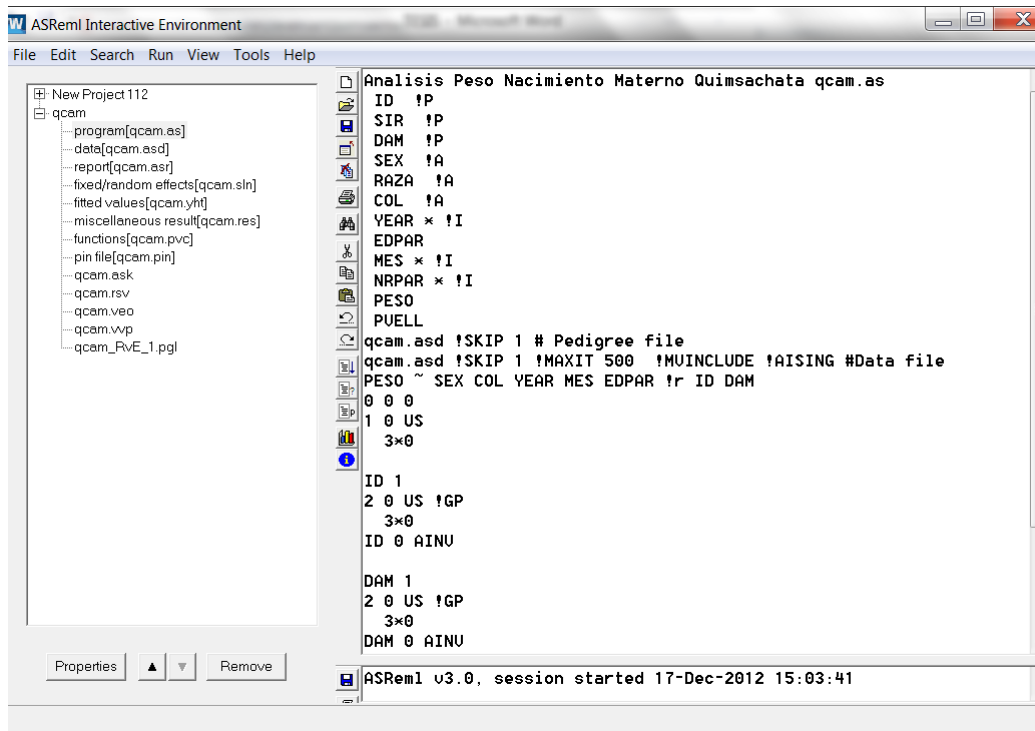
ANEXO 7: Archivo de genealogía para ingreso al programa Pedigri Viewer.



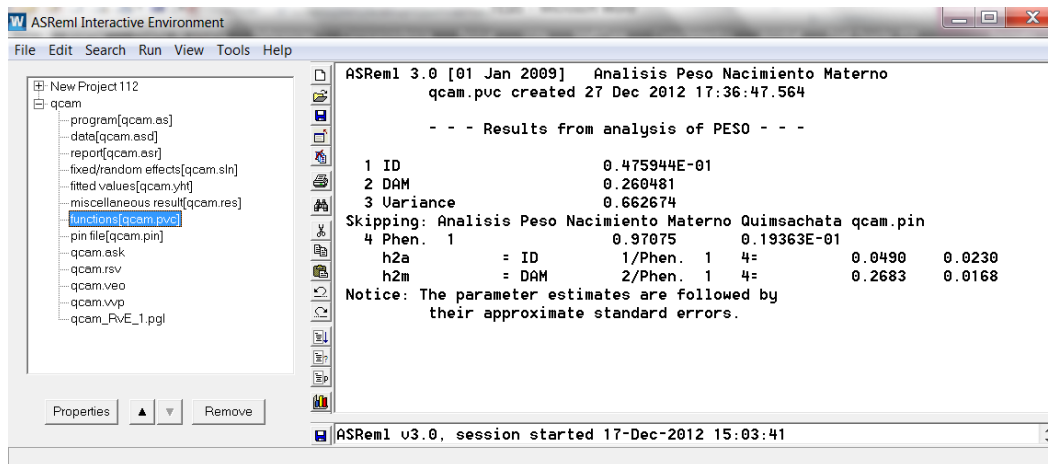
ANEXO 8: Programa Context para editar información de fenotipo y de genealogía.



ANEXO 9: Comandos para la estimación de componentes de varianza en el programa Asreml.



ANEXO 10: Resultados de componentes de varianza y parámetros genéticos en el programa Asreml.



ANEXO 11: Promedio de peso vivo al nacimiento (meanPESO) en kgs, valores genéticos directos (meanBVa) y maternos (meanBVM) por año.

Nro	Año	meanPESO	meanBVa	meanBVM
1	1995	-	0.0007	0.0163
2	1996	-	0.0023	0.0314
3	1997	-	0.0022	0.0022
4	1998	6.5444	-0.0005	-0.0017
5	1999	6.0387	-0.0016	-0.0199
6	2000	6.2719	0.0022	0.0020
7	2001	5.5101	-0.0003	0.0023
8	2002	5.7186	-0.0077	-0.0110
9	2003	6.0340	-0.0026	-0.0138
10	2004	6.0166	0.0007	0.0055
11	2005	6.4067	-0.0037	-0.0383
12	2006	6.5524	-0.0057	-0.0418
13	2007	6.7300	-0.0066	-0.0441
14	2008	6.6882	-0.0021	-0.0502
15	2009	6.0793	-0.0037	-0.0307
16	2010	6.3664	-0.0017	-0.0023
17	2011	5.7129	-0.0027	-0.0225
18	2012	6.2882	-0.0040	-0.0236