

**UNIVERSIDAD NACIONAL AGRARIA
LA MOLINA**

**ESCUELA DE POSGRADO
MAESTRÍA EN PRODUCCIÓN ANIMAL**



**“VERIFICACIÓN DE LA GENEALOGÍA EN ALPACAS
(*Vicugna pacos*) USANDO UN PANEL DE MICROSATÉLITES”**

Presentada por:

JONATHAN ALEJANDRO MORÓN BARRAZA

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

Lima - Perú

2016

**UNIVERSIDAD NACIONAL AGRARIA
LA MOLINA**

**ESCUELA DE POSGRADO
MAESTRÍA EN PRODUCCIÓN ANIMAL**

**“VERIFICACIÓN DE LA GENEALOGÍA EN ALPACAS
(*Vicugna pacos*) USANDO UN PANEL DE MICROSATÉLITES”**

**TESIS PARA OPTAR EL GRADO DE
MAGISTER SCIENTIAE**

Presentada por:

JONATHAN ALEJANDRO MORÓN BARRAZA

Sustentada y aprobada ante el siguiente jurado:

Mg.Sc. Wilder Trejo Cadillo
PRESIDENTE

Ph.D. Gustavo Gutiérrez Reynoso
PATROCINADOR

M.S. Victoria Esther Rivas Palma
CO-PATROCINADORA

Ph.D. Juan Chávez Cossío
MIEMBRO

M.S. Grimaldo Febres Huamán
MIEMBRO

DEDICATORIA

A mis padres Yrene y Alejandro y a
mis hermanos David y Williams;
quienes me alentaron a seguir
adelante.

En especial a mi madre Yrene quien
tuvo toda la paciencia durante la
etapa de mi tesis.

AGRADECIMIENTOS

- Agradezco primero a mi familia por todo el apoyo y paciencia brindada durante el período de mi tesis; y haber hecho una persona capaz de superar los obstáculos y, ante todo una persona que realmente sabe valorar las cosas importantes de la vida.
- Agradecer al PhD. Gustavo Gutiérrez Reynoso asesor de este trabajo, por la oportunidad brindada en esta investigación.
- También, agradecer a la M.S. Victoria Rivas co-asesora de esta investigación, por su apoyo brindado desde el momento que se planteó la propuesta.
- A los miembros del jurado, por su apoyo y aceptación de esta investigación desde el momento que se planteó el proyecto.
- Al Laboratorio de Genética Molecular del Instituto de Investigación en Bioquímica y Biología Molecular (IIBBM) por su apoyo para la realización de este trabajo de investigación en sus instalaciones.
- También agradecer al Laboratorio de Biología Molecular y Genética en el Instituto Nacional de Innovación Agraria (INIA), por su apoyo para la realización de esta tesis en sus instalaciones. Al Ing. Eudosio Veli Rivera y Blga. Claudia Yalta Macedo, quienes sin su apoyo y participación, no se hubiera logrado obtener esta investigación científica.
- Y al Proyecto VLIR: SP1: “Mejorando los sistemas de producción de alpacas en pastizales de la sierra central del Perú” por el financiamiento de la presente tesis.
- Agradecer al Mg. Sc. Jorge Mendoza por su apoyo durante la fase de campo, durante el muestreo de las alpacas en las unidades de producción.

RESUMEN

El presente trabajo tuvo como objetivo la verificación de la genealogía en alpacas Huacaya utilizando marcadores microsatélites. Los objetivos específicos fueron: a) validar un panel de marcadores microsatélites para pruebas de paternidad; b) estimar el nivel de endogamia por unidad de producción y; c) asignación de paternidad para los casos en presencia o ausencia de los padres. Se utilizó un panel de 15 marcadores microsatélites de alpacas. El ADN fue extraído de folículos pilosos de 247 alpacas Huacaya procedentes de tres unidades de producción de la Región Pasco. Los resultados obtenidos fueron: a) el número total de alelos varió de 8 a 32 alelos por locus, el contenido de información polimórfica fue superior a 0.7 en todos los marcadores. Los valores estimados de la probabilidad de discriminación para los marcadores LCA37, LCA66, LCA08, YWLL36, YWLL44, YWLL08, VOLP04 y VOLP32 fueron mayores a 0.84, y la probabilidad de exclusión conjunta fue superior al 99.9%. b) El valor F_{IS} fue de 0.232, lo cual indica un alto nivel de endogamia. c) La asignación de paternidad tuvo un éxito de 100%. En conclusión, de los 116 casos de verificación de paternidad, solo 77 (66.4%) coinciden con los registros obtenidos en campo en las tres unidades de producción. La utilización del panel de marcadores microsatélites es conveniente y eficiente para la identificación individual y pruebas de parentesco en alpacas.

Palabras claves: alpaca, microsatélites, probabilidad de exclusión, paternidad

ABSTRACT

The aim was to verify the genealogy information in Huacaya alpaca using microsatellite markers. The specific objectives were: a) to validate a panel of microsatellite markers for paternity testing; b) to estimate the inbreeding level by production unit and; c) to assign paternity for cases in the presence or absence of parents. 15 microsatellite markers for alpaca were used. DNA was extracted from hair follicles of 247 huacaya alpaca belonging to three production units in Pasco Region. The results obtained were: a) the total number of alleles ranged from 8 to 32 alleles per locus, the polymorphic information content was greater than 0.7 in all markers used in alpacas. The estimated values of the probability of discrimination for markers LCA37, LCA66, LCA08, YWLL36, YWLL44, YWLL08, VOLP04, and VOLP32 were greater than 0.84, and the probability of exclusion joint was higher than 99.9%. b) The FIS value was 0.232, which indicates a high level of inbreeding. c) The allocation of paternity had a 100% success. In conclusion, 77 out of 116 cases of paternity verification matched with the field records of the three production units. The use of the panel of microsatellite markers was convenient and efficient for individual identification and parentage testing in huacaya alpacas.

Key words: alpaca, microsatellite, exclusion probability, paternity

ÍNDICE GENERAL

	Pág.
I. INTRODUCCIÓN	1
II. REVISIÓN LITERARIA	3
2.1 CAMÉLIDOS SUDAMERICANOS	3
2.2 ALPACAS	3
2.2.1 Razas de alpacas	6
2.3 MARCADORES MOLECULARES	6
2.4 MICROSATÉLITES	7
2.4.1 Estudios genéticos en camélidos con marcadores microsatélites	8
2.4.2 Estudios de validación de un panel de microsatélites	10
2.5 ESTUDIOS ANTERIORES EN ALPACAS	10
2.5.1 Estudios de validación de un panel de microsatélites	10
2.5.2 Estudios de verificación de paternidad en Perú	11
III. MATERIALES Y MÉTODOS	13
3.1 FASE DE CAMPO	13
3.2 FASE DE LABORATORIO	15
3.2.1 Extracción de ADN	15
3.2.2 Calidad y concentración de ADN	16
3.2.3 Amplificación de marcadores microsatélites	17
3.2.4 Electroforesis capilar	19
3.2.5 Análisis de datos	19
3.3 FASE DE ANÁLISIS DE RESULTADOS	20
3.3.1 Validación de un panel de microsatélites	20
a) Frecuencias alélicas	20
b) Número de alelos	21

c) Número de alelos efectivos	21
d) Contenido de información polimórfica	21
3.3.2 Coeficiente de endogamia	22
a) F_{IS}	22
b) F_{ST}	22
c) F_{IT}	23
3.3.3 Asignación de parentesco	23
a) Probabilidad de coincidencia	23
b) Probabilidad de discriminación	23
c) Probabilidad de exclusión	24
d) Asignación de paternidad	26
IV. RESULTADOS Y DISCUSIÓN	27
4.1 Validación de un panel de microsatélites	27
4.1.1 Frecuencias alélicas	27
4.1.2 Número de alelos y contenido de información polimórfica	35
4.2 Coeficiente de endogamia	36
4.3 Asignación de parentesco	38
4.3.1 Probabilidad de coincidencia y discriminación	38
4.3.2 Probabilidad de exclusión	39
4.3.3 Asignación de paternidad / maternidad	40
V. CONCLUSIONES	41
VI. RECOMENDACIONES	42
VII. REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS	43
VIII. ANEXOS	50

ÍNDICE DE TABLAS

	Pág.
Tabla 1. Lista de marcadores microsatélites	15
Tabla 2. Condiciones de amplificación de los microsatélites	18
Tabla 3. Interpretación de F_{ST}	23
Tabla 4. Contenido de información polimórfica y número de alelos	36
Tabla 5. Índice de fijación (F_{IS} , F_{IT} , F_{ST})	37
Tabla 6. Valores de probabilidad de coincidencia y discriminación por locus	38
Tabla 7. Probabilidad de exclusión por locus	39

ÍNDICE DE FIGURAS

	Pág.
Figura 1. Clasificación taxonómica de los camélidos	4
Figura 2. Distribución anual de la población de alpacas en Perú	5
Figura 3. Fenotipos de alpaca Huacaya y Suri	6
Figura 4. Esquema de uso de un marcador microsatélite	8
Figura 5. Ubicación geográfica del muestreo	13
Figura 6. Proceso de toma de muestras	14
Figura 7. Cuantificación de ADN	16
Figura 8. Procedimiento de evaluación de ADN	17
Figura 9. Proceso de amplificación de <i>primers</i>	18
Figura 10. Proceso de análisis de genotipos	19
Figura 11. Identificación de genotipos	20
Figura 12. Diagrama de inclusión y exclusión	24
Figura 13. Distribución de las frecuencias alélicas en el locus LCA66	27
Figura 14. Distribución de las frecuencias alélicas en el locus LCA05	28
Figura 15. Distribución de las frecuencias alélicas en el locus LCA08	28
Figura 16. Distribución de las frecuencias alélicas en el locus LCA94	29
Figura 17. Distribución de las frecuencias alélicas en el locus LCA37	29
Figura 18. Distribución de las frecuencias alélicas en el locus LCA90	30
Figura 19. Distribución de las frecuencias alélicas en el locus YWLL36	31
Figura 20. Distribución de las frecuencias alélicas en el locus YWLL44	31

Figura 21. Distribución de las frecuencias alélicas en el locus YWLL08	32
Figura 22. Distribución de las frecuencias alélicas en el locus VOLP92	32
Figura 23. Distribución de las frecuencias alélicas en el locus VOLP04	33
Figura 24. Distribución de las frecuencias alélicas en el locus VOLP32	33
Figura 25. Distribución de las frecuencias alélicas en el locus VOLP55	34
Figura 26. Distribución de las frecuencias alélicas en el locus VOLP72	34
Figura 27. Distribución de las frecuencias alélicas en el locus VOLP77	35

ÍNDICE DE ANEXOS

	Pág.
Anexo 1. Ficha de campo de la unidad de producción 1	51
Anexo 2. Ficha de campo de la unidad de producción 2	55
Anexo 3. Ficha de campo de la unidad de producción 3	57
Anexo 4. Cuantificación de ADN stock	62
Anexo 5. Cuantificación de ADN dilución	68
Anexo 6. Protocolos de estandarización de <i>primers</i>	74
Anexo 7. Relación de asignación de paternidad en la unidad de producción 1	76
Anexo 8. Relación de asignación de paternidad en la unidad de producción 2	77
Anexo 9. Relación de asignación de paternidad en la unidad de producción 3	78

I. INTRODUCCIÓN

Para realizar un programa de mejoramiento genético, se requiere de la evaluación de los registros genealógicos -control de consanguinidad, estudio de herencia de caracteres de interés (evaluación de productividad) y evaluación genética- del individuo adecuado. En estos generalmente se incluye a grupos de individuos que cumplen con el estándar de la raza, los mismos que al pertenecer a poblaciones bajo selección artificial agruparían de manera progresiva -en el tiempo- mayores frecuencias de los genes deseados y cada vez mejores animales; dinámica que conlleva también a que individuos con atributos no considerados en el programa pierdan la oportunidad de ser mantenidos, lo cual representa una pérdida progresiva de diversidad genética.

En alpacas, el mal manejo de los registros genealógicos y de productividad, o la ausencia de ellos, como ocurre en la Región Pasco, genera desconfianza al momento de la selección y la definición de los apareamientos a realizar en la época de empadre; lo cual es más agudo en las comunidades campesinas, donde muchas veces –aun existiendo éstos- se aprecia deficiencia en su manejo, lo cual conlleva al incremento de la consanguinidad en el rebaño con los consecuentes efectos secundarios (polidactilia, ojo zarco, prognatismo, entre otros) dando lugar a la depresión en la vitalidad, tasas reproductivas, resistencia y supervivencia de los animales.

Por tal motivo, para establecer un adecuado plan de mejoramiento genético, específicamente, a través de un núcleo disperso en la Región Pasco, se debe contar con una base de registro genealógico y de productividad que incluya a cada uno de los animales a seleccionar como superiores en los planteles de las comunidades participantes.

De esta forma, conociendo el *pool de loci* de los individuos evaluados, es posible en la actualidad determinar un adecuado grado de probabilidad de exclusión de paternidad, complementando y otorgando mayor confianza a la información derivada de los registros clásicos existentes y en situaciones extremas -en poblaciones donde no existen registros- evitar apareamientos entre individuos genéticamente similares o con estrecho grado de parentesco, limitando así la probabilidad de conjugación de alelos indeseables que conduce

al incremento de efectos detrimentales consecuencia de la consanguinidad. También permite realizar simulaciones para encontrar a los posibles padres, asignando al más probable cuando las genealogías no existen o están incompletas.

El presente trabajo tiene como objetivo general la verificación de genealogía en alpacas huacaya utilizando marcadores microsatélites, y como objetivos específicos:

- Validar un panel de marcadores microsatélites para pruebas de paternidad en alpacas a nivel nacional.
- Estimar el nivel de endogamia por unidad de producción en estudio, procedentes de la Región de Pasco.
- Asignación de parentesco (paternidad y maternidad) en presencia o ausencia de los progenitores.

II. REVISIÓN DE LITERATURA

2.1 CAMÉLIDOS SUDAMERICANOS

Los Camélidos Sudamericanos (CSA) derivan de especies originadas en Norteamérica (Figura 1), que fueron desapareciendo hace aproximadamente 11 millones de años, entre la época del gran intercambio intercontinental hasta la migración. Antes de su desaparición, algunos camélidos ancestrales migraron hacia el sur del continente dando origen a los géneros *Lama* (llama y guanaco) y *Vicugna* (alpaca y vicuña) (Gentry *et al.*, 2004).

Los CSA (*Lama* y *Vicugna*) son de gran importancia social, económica, cultural y científica para el Perú y otros países de América del Sur. Los Camélidos se encuentran presentes en Asia, África y Sudamérica; concordante con la taxonomía (Marín *et al.*, 2007).

Todos los CSA poseen un mismo número de cromosomas ($2n=74$); que permite el cruce entre ellos, generando híbridos como es el caso del huarizo, producto entre una llama macho y una alpaca hembra; o el pacovicuña que es resultado del apareamiento entre una alpaca hembra y una vicuña macho; o el misti, resultado entre una alpaca macho y una llama hembra (Marín, 2012).

En la actualidad el Perú cuenta con la mayor población de alpacas y vicuñas; ocupando el segundo lugar a nivel mundial en población de llamas; y cuarto lugar en población de guanacos. El principal reto del país es lograr el mejor aprovechamiento de los CSA en favor de las comunidades campesinas que viven de su crianza (actividades productivas y comerciales) (INEI, 2012).

2.2 ALPACAS

El origen de las alpacas ha sido históricamente materia de controversia; sin embargo, la comparación de la morfología de los incisivos de restos arqueológicos en la puna peruana, muestra similitudes entre alpacas y vicuñas, conllevando a concluir de este análisis que las alpacas son formas domésticas de las vicuñas (Wheeler *et al.*, 1995; Wheeler, 2005).

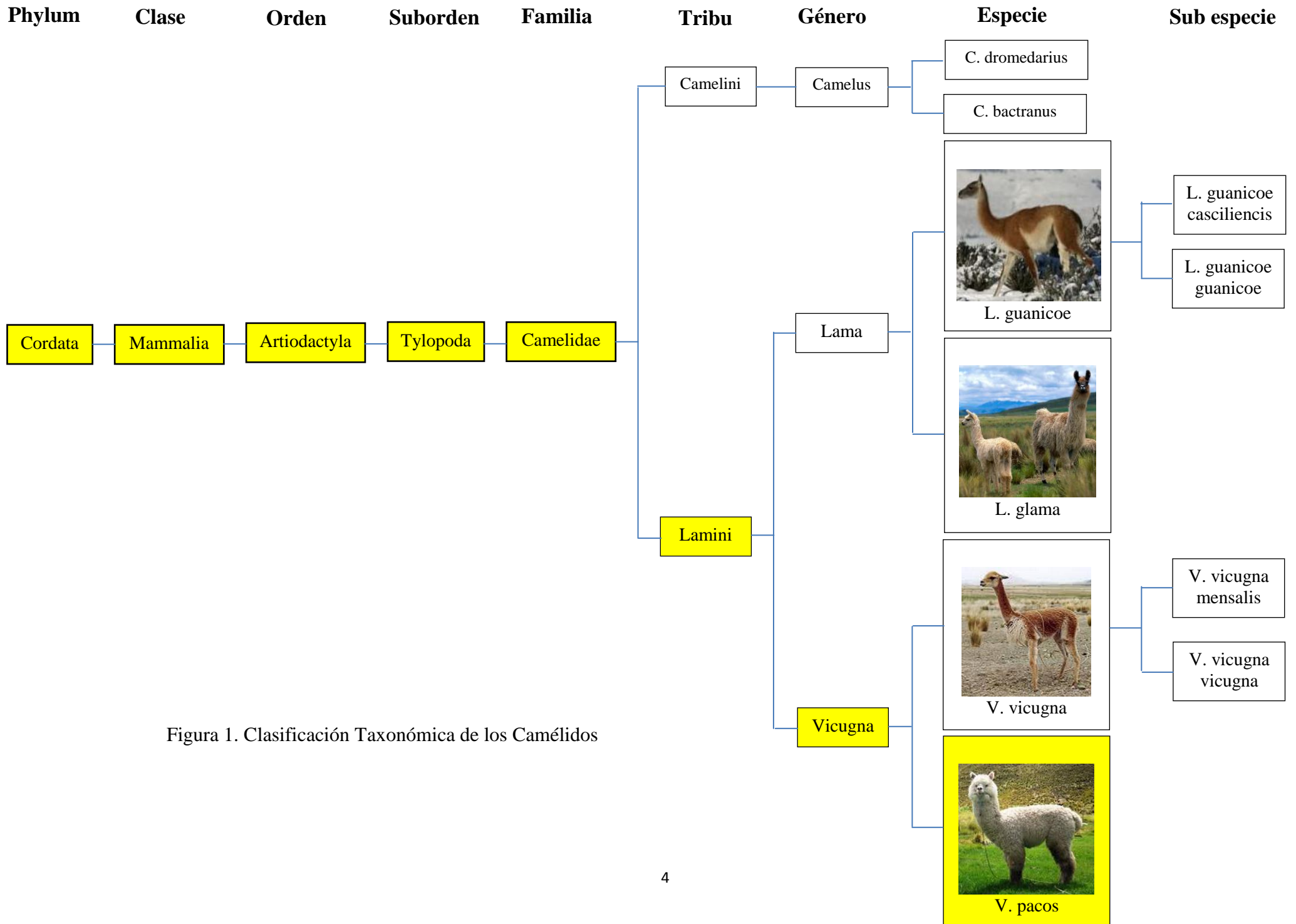


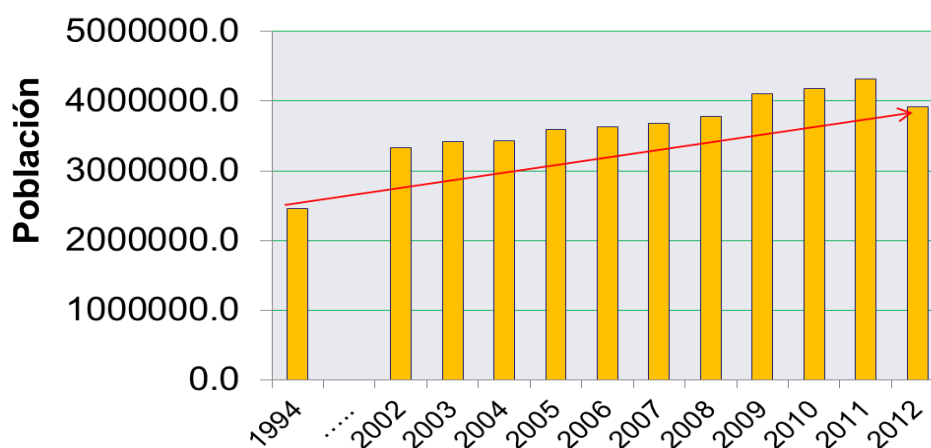
Figura 1. Clasificación Taxonómica de los Camélidos

Alternativamente, otros estudios sustentan la hipótesis que la alpaca descendería del guanaco, o que sería un híbrido entre llama y vicuña (Hemmer, 1990).

La alpaca es un mamífero adaptado a altitudes extremas, soporta bien las heladas y tiene numerosas ventajas frente al ganado introducido como el ovino y bovino. Por lo general es criada principalmente para producción de fibra, y de manera complementaria para carne. Produce una de las fibras más finas, exóticas y naturales del mundo, de alta valoración en los mercados nacional e internacional. Sin embargo, pese a las excelentes cualidades de su carne -entre otras su bajo nivel de grasa y alto porcentaje de proteína-, ésta tiene aún baja demanda en ambos mercados (Ponzoni, 1996).

La población total de alpacas en el Perú es de 3.6 millones de alpacas (Figura 2), teniendo un incremento de 33.8% entre 1994 y el 2012. La mayor población de alpacas se encuentra en la Sierra del Perú (Puno, Cusco, Huancavelica, Ayacucho, Apurímac, Pasco y Moquegua). El 80.45% de la población total son de raza huacaya y el 12.22% son de raza Suri, con un 7.33% cruzados entre ambos (FAO, 2012).

El 4% de la población total de alpacas se encuentra en el departamento de Pasco, de los cuales el 93% de la población de alpacas en Pasco son de raza huacaya, un 5% son de raza Suri y el 2% son cruzados (INEI, 2012).



Fuente: Estadísticas - FAO (Perú), 2012.

Figura 2. Distribución Anual de la Población de Alpacas en Perú

2.2.1 Razas de alpacas

Existen dos razas reconocidas de alpacas denominadas: Huacaya y Suri (Figura 3).

La raza Huacaya es la más abundante y se caracteriza por la cobertura total del cuerpo con un vellón muy denso que llega a cubrir piernas, frente y mejillas, llegando a formar un copete que puede cubrir los ojos. La fibra es rizada, dando al vellón una apariencia esponjosa.

La raza Suri presenta un vellón con fibras de aspecto más sedoso, lacio y de mayor crecimiento en largo que, debido a su estructura, cae desde la línea media a ambos lados del cuerpo (Lamo, 2011).



Figura 3. Fenotipos de alpacas Huacaya y Suri

2.3 MARCADORES MOLECULARES

Los marcadores moleculares son fragmentos de ADN para seguir la transmisión de un segmento de cromosoma de una generación a otra, permite identificar y/o diferenciar genotipos. En un sentido restringido, un marcador genético es una entidad genética que manifiesta polimorfismo y se hereda de forma mendeliana. El interés por detectar variación molecular para diversas aplicaciones ha conducido a un incremento en el tipo y número de marcadores disponibles para análisis genético. Entre los diferentes tipos de marcadores moleculares se encuentran: RAPD, AFLP, RFLP, SSCP, Microsatélites, SNP, etc. (Dunner y Cañon, 2001).

El uso de los marcadores moleculares se considera como uno de los principales objetivos en los programas de conservación y el mantenimiento de la diversidad genética de la especie, protegiendo de esta forma sus procesos ecológicos y evolutivos (Moritz, 1999). Estos deben incluir tanto los recursos genéticos representativos como los únicos o singulares, polo que es necesario conocer como la variabilidad genética se encuentra distribuida en las distintas poblaciones (Jiménez y Collada 2000).

Las herramientas moleculares, permiten analizar estructuras genéticas de poblaciones, debido a su fácil manipulación y rápida obtención de resultados; es a partir de estos que la genética de poblaciones juega un rol muy importante, ya que empleando diferentes análisis matemáticos y estadísticos logra examinar procesos y patrones evolutivos que pueden haber influido, ó aún seguir influyendo, en la estructura y distribución de estas especies. Por lo tanto, analiza cómo diferentes poblaciones están interactuando entre sí, con lo cual se realiza un dictamen del estado en el cual se encuentran y obtener mayor información de la especie para su posterior manejo (Iannacone, 2006).

2.4 MICROSATÉLITES

Los microsátélites también denominados Short Tandem Repeats (STRs), son secuencias de ADN no codificante que contienen repeticiones de 1 a 6 pb, las cuales se repiten en tándem y de manera aleatoria en el genoma de los seres vivos. Fueron identificados en 1989 (Aranguren-Méndez y Jordana, 2001). El polimorfismo detectado en cada región como la heterocigosidad son muy altos, siendo casi imposible encontrar dos individuos idénticos utilizando varias sondas (Buxade, 1995).

Los microsátélites presentan la ventaja de estar distribuidos al azar, en intrones, regiones codificantes e intergénicas, aunque con una leve tendencia de mayor densidad en la región distal (telomérica) de los cromosomas.

Un marcador molecular tipo microsátélite debe reunir una serie de características para maximizar su utilidad, siendo las más resaltantes:

- Buena distribución a lo largo del genoma.
- Elevado polimorfismo, que hace posible la diferenciación genética entre individuos, porque es poco probable que dos individuos elegidos al azar, si son analizados para una misma serie de estos marcadores, compartan todos sus alelos.

- Baja tasa de mutación (herencia estable) que oscila entre 10^{-3} y 10^{-5} .
- Elevada reproductividad y precisión.
- Codominancia que permite diferenciar individuos homocigotos de heterocigotos.
- Análisis de muestras degradadas. No se limitan únicamente a muestras sanguíneas frescas, ni requerir grandes cantidades de ADN.

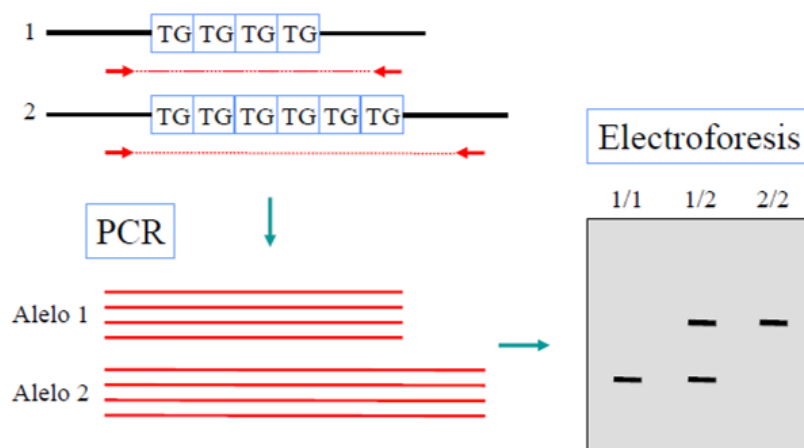


Figura 4. Esquema de uso de un marcador microsatélite

En resumen, son útiles para estudiar niveles de variabilidad genética dentro de poblaciones y analizar relaciones genéticas existentes entre ellas (Figura 4); son de gran trascendencia para estimar la diversidad genética y consanguinidad en poblaciones de animales domésticos en peligro de extinción.

2.4.1 Estudios genéticos en camélidos con marcadores microsatélites

Estudios en camélidos empleando marcadores microsatélites han permitido conocer su origen de las formas domésticas, debido principalmente a la alta tasa de hibridación entre llamas y alpacas, y las dificultades en la interpretación de restos arqueológicos (Kadwell *et al.*, 2001) conocer el origen de llamas y alpacas a nivel de ADN nuclear, el cual ha sido material históricamente de controversia (Wheller *et al.*, 2005). El análisis de Bandas G de los cromosomas, las secuencias del gen citocromo b y la región hipervariable I de la región control del ADNmt, quedó una vez más demostrada la alta similitud genética entre las llamas y los guanacos, así como las alpacas y las vicuñas (Marín *et al.*, 2007).

Sarno *et al.* (2000) analizando 6 microsatélites, trabajaron en llama y guanaco para estudiar su variabilidad genética; reportando probabilidades de exclusión acumuladas de 0.993 y

0.998 en llama y guanaco, respectivamente; las cuales permiten su uso en pruebas de paternidad para ambas especies. Bustamante *et al.* (2002), estudiaron la diversidad genética de una población de llamas y dos de guanaco empleando 6 microsatélites derivados de llama, calculando parámetros poblacionales y demostrando la diferenciación entre llamas y guanacos de Argentina y altos valores de diversidad genética. En el 2003, Evdotchenko *et al.*, reportaron 19 microsatélites en llamas, los cuales pueden ser aplicados también en las diferentes especies de la familia Camelidae.

Por otro lado, Barreta *et al.* (2012) analizaron 22 microsatélites reportando un alto nivel de diversidad genética en las poblaciones estudiadas, con un rango de 4 a 18 alelos por locus con altos niveles de heterocigosidad observada con rangos de 0.611 a 0.696. Paredes *et al.* (2013) estudiaron 20 microsatélites para estimar la diversidad genética en alpacas de cinco poblaciones del sur del Perú, reportando un total de 230 alelos y una diversidad genética que oscila entre 0.712 a 0.749.

También se han realizado pruebas para verificación de paternidad en vicuñas de Bolivia, caracterizando tres microsatélites en dos grupos familiares, reportando un 99.07% de índice de parentesco entre 27 especímenes (Huanca-Mamani y Arteaga-Voigt, 2014). Spencer *et al.* (2010) empleando 17 microsatélites en dromedarios para verificación de parentesco, reporto un rango de 5 a 23 alelos y una probabilidad de exclusión de 0.999, asignando 15 casos. Empleando microsatélites para pruebas de paternidad en cabras, se encontró una probabilidad de exclusión de 0.9999 (Luikart *et al.*, 1999; Garritsen *et al.*, 2015), Por otro lado, Mommens *et al.* (1998) estudiaron 33 microsatélites de bovinos domésticos para resolver casos de paternidad en bison americano, reportando valores de 0.98 de probabilidad de exclusión acumulada.

En el Perú, su aplicación ha conducido a determinar tanto la variabilidad poblacional de alpacas a nivel de ADN nuclear (Rodríguez *et al.*, 2004; La Manna *et al.*, 2011; Vallejo *et al.*, 2012; Yalta *et al.*, 2012 y Paredes *et al.*, 2013), como a nivel de polimorfismos proteicos (Rivas *et al.*, 2011). Se ha caracterizado nuevos marcadores genéticos microsatélites de forma di nucleótido (Delgado de la Flor, 2014) y tetra nucleótido (Munyard *et al.*, 2009).

2.4.2 Estudios de validación de un panel de microsatélites

En bovinos domésticos y bison de Norte América, empleando 15 microsatélites para su validación y uso en pruebas de paternidad, se encontró un mayor número de alelos en bison que en bovinos domésticos, pero un Contenido de Información Polimórfica (PIC) y Probabilidad de Exclusión (PE) ligeramente menor que en bovinos. Es por ello, se utilizó un panel de 12 microsatélites, obteniendo en bison un PE de 0.9955 y en bovinos de 0.9995 a través de todas las poblaciones. Este panel constituye un poderoso y eficiente método para determinar paternidad en bison de Norte América y bovinos domésticos (Schnabel *et al*, 2000).

Por otro lado, en bovinos de razas Brahman y Brangus de México, utilizando ocho microsatélites, se obtuvo una probabilidad de exclusión de paternidad de 0.993 y 0.999, respectivamente; lo cual indica que una prueba de paternidad empleando estos marcadores genéticos, tendría una confiabilidad de 99.3% en la raza Brahman y 99.9% en la raza Brangus (Riojas *et al*, 2006).

En bovinos Holstein, empleando un panel de 17 microsatélites, se observó un alto polimorfismo, encontrando un promedio de 8.35 alelos por locus. La probabilidad de exclusión de paternidad con un solo pariente fue de 0.999 y con otros genotipos de parientes de 0.99999. Fue posible asignar 31 casos de 33 padres con pedigree con un 95% de confianza, dos fueron excluidos de la relación de padres candidatos. Los 17 microsatélites tuvieron una alta eficiencia en análisis de paternidad e identificación individual (Zhang *et al*, 2010).

En caprinos, localmente adaptados y comerciales de Brasil, aplicando un panel de 16 microsatélites, el número de alelos reportados osciló entre cuatro y 18 alelos. Usando todos los marcadores, el 100% de los casos de paternidad fueron resueltos con nivel de confianza de 95%; asimismo, el panel de 16 microsatélites mostró un adecuado poder de exclusión (99.99%) y un 99.99% de precisión de identidad (Da Silva *et al*, 2014).

2.5 ESTUDIOS ANTERIORES EN ALPACAS

2.5.1 Estudios de coeficiente de endogamia

Se realizó un estudio en Chile sobre defectos anatómicos en camélidos domésticos (alpacas, llamas e híbridos); sin embargo, el autor no menciona el coeficiente de

endogamia en las poblaciones de estudio, por lo cual aparecen estos defectos. Se reportó cuatro defectos atribuibles a la herencia: agenesia del pabellón auricular (14.9%), ojos zarcos (11.7%), prognatismo (5.6%) y polidactilia (3.6%). La mayor proporción de ejemplares son los huarizo (53.6%), seguido de las llamas (37.4%) y las alpacas (31.2%); de los cuales, el 46.4% se detectó en los machos y el 33.6% a las hembras (Briones y Valdivia, 1985).

En Bolivia, los coeficientes de endogamia fueron positivos (déficit de heterocigotos) en las poblaciones de alpacas que oscilan entre 0.019 a 0.114, siendo niveles bajos. La diferenciación genética entre las poblaciones es de bajo a moderada con valores de 0.008 a 0.077, respectivamente (Barreta *et al.*, 2012).

En Puno-Perú se realizó un estudio para estimar el coeficiente de consanguinidad a partir de registros genealógicos. Se encontró una consanguinidad promedio en la población de 0.17%. El 76% de los animales consanguíneos corresponden a alpacas Suri o de color, lo cual podría deberse a la falta de suficientes padres no emparentados para las alpacas Suri o de color (Vilela y Asparrin, 2012).

Por otro lado, en Puno empleando marcadores microsatélites para determinar el coeficiente de endogamia en alpacas. Se empleó 183 alpacas huacaya blancas, reportando valores de F_{IS} de 0.016 y F_{ST} de 0.003 reflejando bajo nivel de endogamia (Yalta *et al.*, 2014).

2.5.2 Estudios de verificación de paternidad en Perú

Se han realizado pocos estudios de análisis de ADN para la determinación de paternidad en alpacas huacaya.

En la provincia de Canchis - Cusco (Estación Experimental IVITA-Marangani), a través de un analizador genético se evaluó la paternidad de 47 alpacas (18 crías, 18 madres y 11 padres), utilizando 10 STR (LCA19, LCA22, LCA5, LCA23, YWLL08, YWLL29, YWLL36, YWLL40, YWLL43 y YWLL46). El número de alelos reportados fue entre 4 y 20. La probabilidad de exclusión acumulada para las los 10 loci fue de 0.9999, confirmando la paternidad en 18 casos; sin embargo, en el 22% de éstos se reportó padres alternativos que no correspondieron a los registrados (Rodríguez *et al.*, 2004).

Asimismo, en alpacas huacaya de la sierra de Lima con siete microsatélites (YWLL29, YWLL40, LCA37, VOLP04, LCA94, LCA86 y LCA22), se reportó un poder de exclusión

de 99.17%, permitiendo una buena discriminación de individuos en lugares que no se cuenta con registros genealógicos (Iannacone, 2006).

Por otro lado, en alpacas de Huancavelica, Junín, y Puno empleando 10 STR (LCA19, LCA37, YWLL40, YWLL29, YWLL36, LCA5, LCA66, YWLL08, LCA08 y YWLL44), se encontró que todos los marcadores fueron altamente polimórficos, con un rango de 6 a 28 alelos (14.5 alelos por locus). El total de probabilidad de exclusión fue de 0.999456, cuando se conoció el genotipo de uno de los padres y de 0.999991 cuando se conoció el genotipo de ambos padres. El panel de marcadores empleados asignaron la paternidad en 38 de los 45 casos (Agapito *et al.*, 2008).

Con datos del Programa de Mejora Genética de Camélidos Sudamericanos en Huancavelica se determinó el poder de asignación de paternidad en alpacas empleando SNP (40, 60, 80 y 100) comparado con microsatélites (10, 15, 20 y 25), bajo tres escenarios de apareamiento: i) controlado (100 crías, 100 hembras y 5 machos); ii) alternado (100 crías, 10 machos y 100 hembras); y iii) múltiple (100 crías, 100 hembras y 15 machos). Se logró una asignación casi perfecta con los panel de 100 SNP y 25 STR en los tres escenarios. Por otro lado, un panel de 40 SNP es comparable a un panel de 10 STR (3.9 SNP equivalente a 1 STR) (Paucar, 2011).

En Puno se realizó un estudio para la determinación de pruebas de paternidad y parentesco en alpacas (183 individuos), empleando 10 STR (LCA37, LCA5, LCA66, LCA8, LCA90, LCA94, VOLP92, YWLL36, YWLL44 y YWLL08), el total de loci presentó una probabilidad de exclusión superior al 99.9% cuando se conoció el genotipo de ambos padres, alcanzando un poder de discriminación mayor al 0.90. La prueba de filiación permitió detectar mayores errores de asignación de maternidad (13.04%) y paternidad (30.4%) en el Fundo Itita; mientras que en Munay Paqocha, se hallaron menores errores de maternidad (7.69%) y de paternidad (17.95%), siendo un centro con mejor calidad de registros (Yalta *et al.*, 2014).

Por esto último, con el presente estudio se pretende contar con un instrumento más para reducir la incertidumbre de la maternidad y paternidad, con la finalidad de facilitar el desarrollo del proceso de mejoramiento genético de las alpacas de Pasco; a través de la aplicación de la genética molecular.

III.MATERIALES Y MÉTODOS

El trabajo realizado se llevó a cabo en tres fases: a) Fase de Campo, b) Fase de Laboratorio y c) Fase de Análisis de Resultados.

3.1 FASE DE CAMPO

Se tomó muestras de folículos pilosos (pelo) de 247 alpacas huacaya blancas de tres unidades de producción localizadas en la Región de Pasco, a más de 4500 msnm, clasificándose estas como tres sectores diferentes: Unidad de Producción 1; Unidad de Producción 2 y; Unidad de Producción 3 (Figura 5).

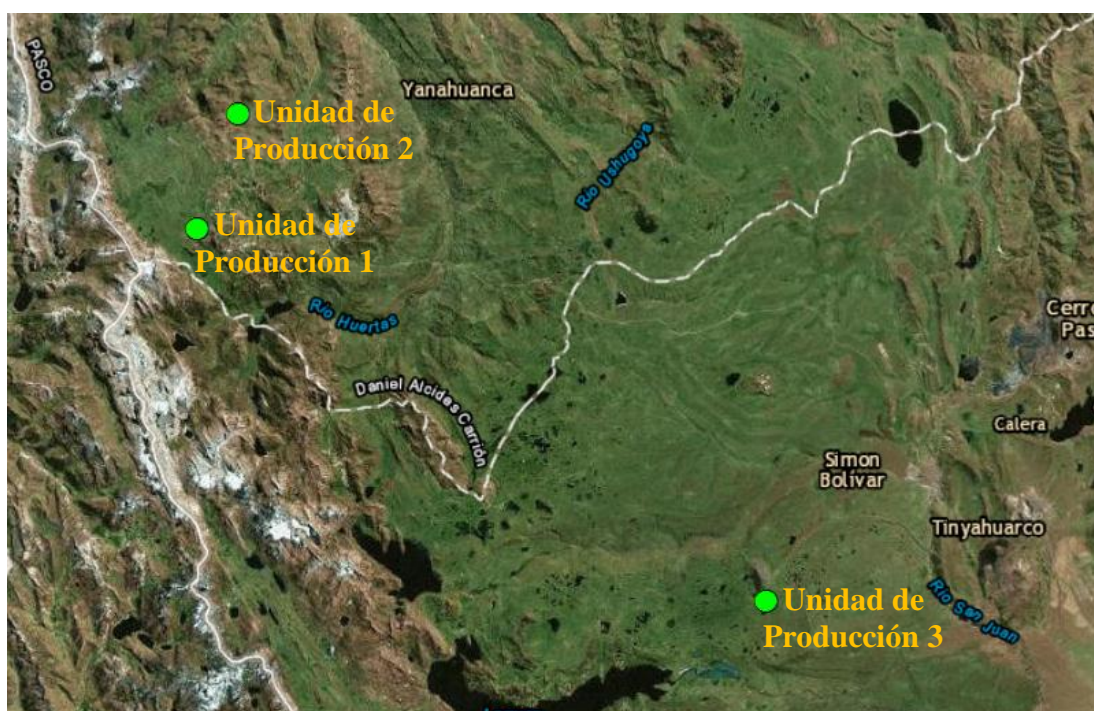


Figura 5. Ubicación geográfica del muestreo

Se colectó entre 40 a 50 folículos pilosos que fueron depositados en pequeñas bolsas ziploc (Figura 6); tomándose los siguientes datos de cada animal muestreado, indicando: i) fecha de nacimiento; ii) sexo (macho o hembra); y iii) número de arete. Las muestras se conservaron a temperatura ambiente, evitando su exposición al sol.

- La primera toma se realizó en la Unidad de Producción 1 (Lat. Sur: $10^{\circ}37.940'$ y Long. Oeste: $76^{\circ}36.744'$), Provincia de Daniel Alcides Carrión, Distrito de Yanahuanca; colectándose muestras de 83 individuos (Anexo 1).
- La segunda toma se realizó en la Unidad de Producción 2 (Lat. Sur: $10^{\circ}37.862'$ y Long. Oeste: $76^{\circ}37.802'$), Provincia de Daniel Alcides Carrión, Distrito de Yanahuanca, lográndose coleccionar muestras de 50 individuos (Anexo 2).
- La tercera toma se realizó en la Unidad de Producción 3 (Lat. Sur: $10^{\circ}47.425'$ y Long. Oeste: $76^{\circ}22.987'$), Provincia de Pasco, Distrito de Simón Bolívar; colectándose muestras de 114 animales (Anexo 3).



Figura 6. Proceso de toma de muestra

3.2 FASE DE LABORATORIO

Para el análisis de microsatélites específicos para la especie, se utilizaron 15 marcadores microsatélites (Tabla 1) reportados en trabajos anteriores y recomendados por ISAG 2014 para obtener datos más robustos a la hora de realizar los análisis finales.

Tabla 1. Lista de marcadores microsatélites.

STR	SECUENCIA	FUENTE	
LCA05	F: GTGGTTTTTGCCCAAGCTC	Penedo <i>et al.</i> , 1998	
	R: ACCTCCAGTCTGGGGATTTC		
LCA08	F: GCTGAACCACAATGCAAAGA		
	R: AATGCAGATGTGCCTCAGTT		
LCA37	F: AAACCTAATTACCTCCCCCA		
	R: CCATGTAGTTGCAGGACACG		
LCA66	F: GTGCAGCGTCCAAATAGTCA		
	R: CCAGCATCGTCCAGTATTCA		
YWLL44	F: CTCAACAATGCTAGACCTTGG		Lang <i>et al.</i> , 1996
	R: GAGAACACAGGCTGGTGAATA		
YWLL08	F: ATCAAGTTTGAGGTGCTTTCC		
	R: CCATGGCATTGTGTTGAAGAC		
YWLL36	F: AGTCTTGGTGTGGTGGTAGAA		
	R: TGCCAGGATACTGACAGTGAT		
LCA90	F: TATAACCCTGGTCTCGCCAA	Penedo <i>et al.</i> , 1999	
	R: CCAAGTAGTATTCCATTATGCG		
LCA94	F: GTCCATTCATCCAGCACAGG		
	R: ACATTTGGCAATCTCTGGAGAA		
VOLP92	F: AGTTATCTTACTTCCAATTTAAAT	Obreque <i>et al.</i> , 1999	
	R: AACATAGAAACAGCATTGAG		
VOLP32	F: GTGATCGGAATGGCTTGAAA		
	R: CAGCGAGCACCTGAAAGAA		
VOLP55	F: AGTTACCGGTTTTTAACCTAT		
	R: GACTTACTATGTGCCAATC		
VOLP72	F: ACCAGGAAACCAACTACTCTT		
	R: GTCAAGGGGCAGGATGT		
VOLP04	F: GCATTTCTCCGTAATCATTG		
	R: TGACACCTTTTGTTTCCATT		
VOLP77	F: TATTTGGTGGTGACATT		
	R: CATCACTGTACATATGAAGG		

3.2.1 Extracción de ADN

Para la extracción de ADN genómico de las 247 muestras se utilizó el protocolo de Sambrook y Russell (1989), modificado por el Laboratorio de Biología Molecular del INIA (2004), como se detalla a continuación:

Para verificar la presencia de folículos pilosos se seleccionó por cada individuo, aproximadamente 40 pelos. Estos se cortaron a 2mm de su base utilizando tijeras y pinzas estériles, se colocó en tubos de 2,0ml conteniendo una solución de lisis (proteinasas K 20mg/ml, buffer TE proporción 20:5 y SDS 10%) y, finalmente, se adicionó 50ul de DTT incubándolos a 56°C por 3h. Luego, se separaron las impurezas agregando 200ul de acetato de potasio 3M. El ADN se precipitó con una solución de isopropanol y etanol absoluto, y se resuspendió en buffer TE 20:5 (Tris-EDTA, pH 8,0). Se realizó lavados primero con soluciones de cloroformo: alcohol isoamílico en proporción 24:1 y luego con acetato de potasio 3M y cloruro de sodio 5M para precipitar las impurezas presentes en el ADN. Finalmente, se agregó etanol absoluto para precipitar el ADN, y se resuspendió en 50 a 200ul de buffer TE 10:1 (pH: 8.0), dependiendo del tamaño del pellet de ADN obtenido. Las extracciones se almacenaron a -20 °C hasta su análisis.

3.2.2 Calidad y concentración de ADN

Posterior a la extracción del ADN, se procedió a determinar la concentración de ADN en ng/μl (Figura 7); además de obtener una lectura de absorbancia a 260nm y 280nm empleando el equipo Epoch, así como la calidad del mismo por medio de la relación A260/A280 que debe estar muy cercana a dos para una óptima calidad.

El proceso consistió en adicionar 2μl de cada muestra de ADN extraído que se colocaron en una placa (15 muestras por placa), contando además con un buffer TE 10:1 como control para comparar la calibración del equipo. Este proceso fue realizado para las muestras de ADN Stock y diluciones (Anexo 4 y Anexo 5, respectivamente).



Figura 7. Cuantificación del ADN

Culminado la cuantificación del ADN, se procedió a evaluar la calidad del ADN, utilizando una cámara electroforética horizontal, empleando como medio un gel de agarosa al 1% (0.4gr de agarosa, 40ml de buffer TE10X (Tris base, Ácido bórico, EDTA 0.5M pH 8.0, Agua Milli Q)).

Se agregó, en cada celda del gel 6 μ l de buffer de carga Sal B 2X (azul de bromofenol, xilencianol, naranja G, sucrosa), para facilitar la visualización y sedimentación del ADN; y, por último, se adicionó 2 μ l de ADN, dejando correr a un voltaje constante de 120v por 30min. Los geles fueron teñidos con bromuro de etidio (1 μ l) y fotografiados con un Transluminador UV (Figura 8).

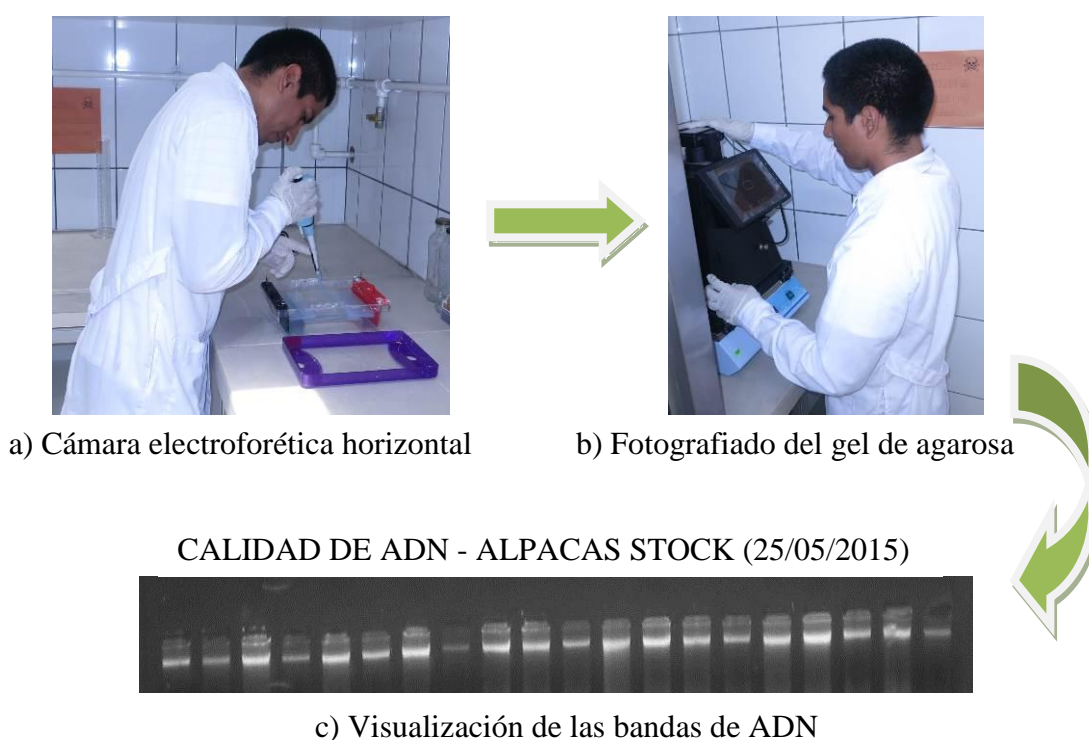


Figura 8. Procedimiento de evaluación de ADN

3.2.3 Amplificación de marcadores microsatélites

Para el análisis de marcadores específicos; se seleccionaron 15 marcadores genéticos microsatélites fluoromarcados de tipo diploide (Tabla 1), descritos en estudios anteriores para pruebas de paternidad en camélidos.

En la obtención de los fragmentos deseados se empleó la técnica en Cadena de Reacción de la Polimerasa (PCR), empleando primers: *forward* y *reverse*; el forward está marcado con fluoró cromos: FAM (azul), HEX (verde) y NED (amarillo). La técnica se basa en la

replicación de manera exponencial de fragmentos de ADN con el uso de la enzima termoestable Taq polimerasa (Mullis, 1990).

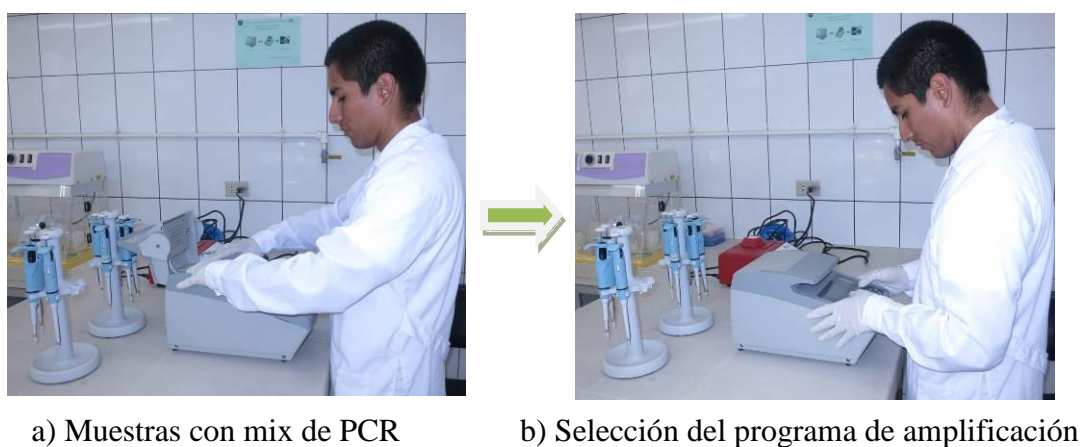


Figura 9. Proceso de amplificación de *primers*

El volumen de cada *primers* (Tabla 2), empleado en la reacción de PCR (Figura 9), fue estandarizado y ordenado en tres grupos según el tamaño de cada marcador para ser utilizados a través de un sistema *multiplex* (en una misma reacción se amplifican varios *primers*, de acuerdo a su tamaño de pares de bases y a su temperatura de annealing), llevada a cabo con el termociclador *Applied Biosystem 3730* utilizando diferentes protocolos de temperatura para cada multiplex (Anexo 6).

Tabla 2. Condiciones de amplificación de los microsatélites

Grupos	Microsatélites	Temperatura Annealing (°C)	Tamaño (bp)	Volumen para PCR (µl)
M1	YWLL36	61	135-177	0.055
	LCA66		217-261	0.055
	LCA05		180-208	0.11
	LCA08		224-260	0.11
	LCA94		185-217	0.11
	LCA37		124-182	0.165
	LCA90		225-265	0.165
M2	YWLL44	57	74-128	0.0825
	YWLL08		121-189	0.11
	VOLP92		191-217	0.22
M3	VOLP32	56	191-275	0.11
	VOLP55		152-190	0.11
	VOLP72		150-190	0.0825
	VOLP04		220-256	0.0385
	VOLP77		115-177	0.1375

3.2.4 Electroforesis capilar

Los productos obtenidos por la PCR se analizaron mediante electroforesis capilar utilizando el analizador genético *ABI Prism 3130XL Genetic Analyzer*® (*Applied Biosystems*) (Figura 10), utilizando el polímero POP 7 (*Performance Optimised Polymer*).



Figura 10. Proceso de análisis de genotipos

Para los análisis se empleó el marcador interno estándar GeneScan ROX™ de tamaño 500bp. Cada muestra analizada contenía 9.7µl de Formamida Hi-Di, 0.3µl de un marcador interno estándar y 1-2.0µl de la reacción de PCR (Tabla 2).

Las muestras depositadas en la placa del analizador se desnaturalizaron a 95°C por 3min, induciéndose luego un choque térmico colocándolas por 3min en hielo, sometiéndolas luego al analizador genético.

3.2.5 Análisis de datos

El análisis de los fragmentos obtenidos y la estimación del tamaño de los alelos estudiados en pares de bases, fue llevado a cabo mediante el software GeneMapper v.3.7 (*Applied Biosystem*) (Figura 11).

El software visualiza los fragmentos en forma de picos que se miden en URF (unidades de fluorescencia). Luego se formó una base de datos con los genotipos de cada una de las muestras. Posteriormente, fueron exportados a una hoja de cálculo para los análisis estadísticos.



Figura 11. Identificación de genotipos

3.3 FASE DE ANALISIS DE RESULTADOS

3.3.1 Validación de un panel de microsatélites

Para validar el panel de microsatélites se empleó el software Genetix v.4.05 (Belkhir *et al.*, 2003) obteniendo las frecuencias alélicas, a partir de las cuales, utilizarlas en el software Cervus v.3.0.3 (Marshall *et al.*, 1998) y determinar los siguientes parámetros:

a) Frecuencias alélicas

La frecuencia alélica en cada marcador es la proporción observada de un alelo específico respecto al conjunto de alelos que pueden ocupar un locus determinado en la población.

$$F_i = k_i/n$$

Siendo: F_i la frecuencia del alelo i , k_i es el número de observaciones para el alelo i ; y, n el número total de observaciones.

b) Número de alelos

Es cada una de las formas alternativas que puede tener un mismo gen las cuales se diferencian en algunas bases de su secuencia y que se puede manifestar en modificaciones concretas de su función (producen variaciones en características heredadas como, por ejemplo, el color de ojos o el grupo sanguíneo) (Mattei, 2002). Dado que los mamíferos son diploides, pues poseen dos juegos de cromosomas, uno procedente del padre y el otro de la madre, cada par de alelos se ubica en igual locus o lugar del cromosoma.

Un alelo puede ser dominante y expresarse en consecuencia en el hijo solamente con una de las copias procreadoras, por lo tanto si el padre o la madre lo poseen, el hijo lo expresará siempre; o bien puede ser un alelo recesivo, por lo tanto se necesitarán dos copias del mismo gen, dos alelos, para que se exprese en el individuo procreado, esto es, deberá ser provisto al momento de la procreación por ambos progenitores.

c) Número de alelos efectivos

Se define como la probabilidad de que dos alelos en un locus elegido al azar en la población sean idénticos por descendencia (Frankham et al, 2002), es decir, mide la frecuencia de aparición o efectividad de los alelos. Esta probabilidad es igual al inverso de la frecuencia esperada de individuos homocigotos en la población y se calcula mediante la expresión:

$$A_e = \frac{1}{\sum p_i^2} = \frac{1}{1-H_e}$$

Siendo: p_i es la frecuencia del i -ésimo alelo en un locus y; H_e es la heterocigosidad esperada en un locus.

d) Contenido de información polimórfica

Indica la calidad de un marcador en estudios de cartografía génica, siendo muy usado para dimensionar el polimorfismo detectado. El problema principal de su uso es su dependencia del número de alelos y sus frecuencias. La información que aporta no es suficiente para basar en ella la elección entre uno u otro marcador (Bostein *et al*, 1980).

$$PIC = 1 - \frac{\sum_{i=1}^n p_i^2 \sum_{j=1+1}^{n-1} 2p_i^2 p_j^2}{\sum_{i=1}^n p_i^2}$$

Donde: P_i es la frecuencia del *i*-ésimo alelo y P_j es la frecuencia del siguiente *j*-ésimo alelo.

Una vez obtenido estos parámetros antes mencionados se puede validar el panel de microsatélites, relacionando los niveles altos de PIC y la variación amplia en el número de alelos obtenidos, esto como consecuencia de las frecuencias alélicas reportadas en el estudio.

3.3.2 Coeficiente de endogamia

Se define como la probabilidad de que los dos alelos que recibe un portador en un mismo locus sean idénticos por descendencia, es decir, que sean copias idénticas del gen de un antepasado en común (Buxadé, 1995).

Los índices de fijación fueron desarrollados por Wright (1951), basados en la idea de que la subdivisión de una población estructurada genera un efecto similar a la endogamia; y, por tanto, es posible medirlos por la reducción en la proporción de genotipos heterocigóticos.

Para estimar el coeficiente de endogamia se empleó el software Fstat v2.9.3.2 (Goudet, 2002) a través de los siguientes parámetros:

a) F_{IS} : Es la correlación existente entre dos gametos escogidos al azar respecto a la subpoblación. Mide la existencia de equilibrio de Hardy-Weinberg a nivel subpoblacional con un intervalo de confianza de 99%.

El coeficiente de endogamia F mide la reducción en la heterocigosidad de un individuo dentro de una subpoblación como consecuencia de apareamientos no al azar. Para evitar confusiones llamaremos a éste coeficiente de endogamia.

b) F_{ST} : Mide los efectos de la subdivisión de una población, es decir, el grado de diferenciación génica entre las poblaciones, en función de sus frecuencias alélicas. Se refiere también al grado de la consanguinidad en las subpoblaciones (S), en relación a la existente población total (T), de la cual ella es parte.

El rango de F_{ST} es de 0 - 1 (Tabla 3). Cuando el valor es cero, no existe divergencia genética y cuando es uno hay fijación para alelos alternos en las diferentes subpoblaciones. (Cornell University, 2004).

Tabla 3. Interpretación de F_{ST}

F_{ST}	Diferenciación Genética
0 a 0.05	Pequeña
0.05 a 0.15	Moderada
0.15 a 0.25	Grande
> 0.25	Muy grande

- c) F_{IT} : Es la correlación entre dos gametos escogidos al azar respecto a la población total. Mide la existencia de equilibrio de Hardy-Weinberg a nivel de toda la población con un intervalo de confianza de 95%.

Es la medida más inclusiva de endogamia ya que considera tanto el efecto debido a los apareamientos no al azar dentro de las subpoblaciones (F_{IS}) como el efecto de la subdivisión de la población (F_{ST}).

3.3.3 Asignación de parentesco

a) Probabilidad de coincidencia

Es la probabilidad que dos individuos elegidos al azar tengan idénticos genotipos en un sistema dado o en una serie de sistemas genéticos (Jones, 1972).

$$P = \sum P_i^2$$

Siendo P_i la frecuencia del i-esimo genotipo.

Si un sistema genético tiene k alelos de igual frecuencia, entonces la probabilidad de coincidencia mínima es $(2k-1)/k^3$. Este valor se conoce también como la probabilidad de no discriminación mínima en sistemas con dominancia. La probabilidad de coincidencia disminuye al aumentar el número de clases.

b) Probabilidad de discriminación

Se define como la probabilidad que dos individuos no relacionados y tomados al azar puedan diferenciarse genéticamente mediante el análisis de un marcador o conjunto de marcadores genéticos (Jones, 1972). El poder de discriminación (PD) se calcula de la siguiente manera:

$$PD = 1 - \text{Probabilidad de coincidencia}$$

c) Probabilidad de exclusión

El poder de exclusión (PE), es la capacidad de identificar un falso padre designado al azar, empleando un grupo de marcadores. Se mide como probabilidad promedio de exclusión, la misma que se estima empleando una determinada fórmula. Esta se encuentra determinada por el número de alelos y frecuencias alélicas del marcador y no por las frecuencias genotípicas observadas (Butler, 2005).

Su valor es diferente según la naturaleza de las poblaciones estudiadas. Siendo usual que se tome como referencia los datos obtenidos en otros estudios, pero tomando información de las mismas poblaciones para lograr una mayor confiabilidad (Iannacone, 2006).

Para realizar un satisfactorio análisis de la paternidad es necesario tomar un número K de loci para evaluar el grado de exclusión que proporcionan. Basados en un gel de agarosa (Figura 12) podemos observar la inclusión (identifica al posible supuesto padre) y exclusión (alelo del supuesto padre diferente al de la cría).

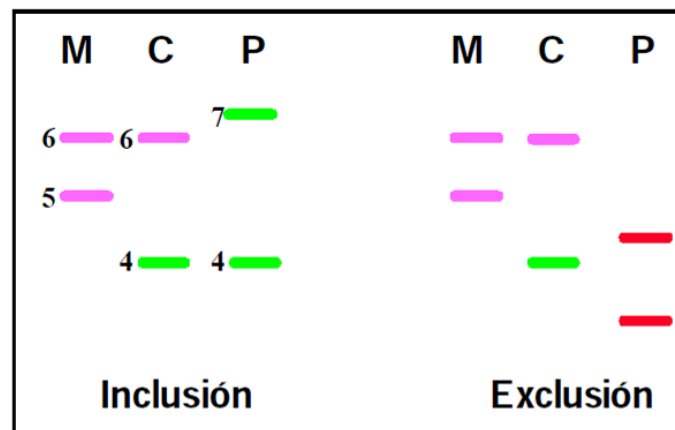


Figura 12. Diagrama de inclusión y exclusión

- PE-1: Probabilidad de exclusión cuando se conocen los genotipos del padre, madre y cría

$$P = \sum_{i=1}^n p_i (1-p_i)^2 - \sum_{i>j=1}^n (p_i p_j)^2 [4-3(p_i+p_j)] \quad (\text{Jamieson 1965, 1979})$$

Y es expresada en probabilidades alélicas (p_i):

$$P = 1 - 2 \sum_{i=1}^n p_i^2 + \sum_{i=1}^n p_i^3 + 2 \sum_{i=1}^n p_i^4 - 3 \sum_{i=1}^n p_i^5 - 2 (\sum_{i=1}^n p_i^2)^2 + 3 \sum_{i=1}^n p_i^2 \sum_{i=1}^n p_i^3 \quad (\text{Jamieson 1994})$$

- PE-2: Probabilidad de exclusión cuando se conoce uno de los genotipos (paternal o maternal)

$$P = \sum_{i=j}^n p_i^2 (1-p_j)^2 + \sum_{i>j=1}^n 2 p_i p_j (1-p_i-p_j) \quad (\text{Graber y Morris 1983})$$

La cual es expresada en términos de pi:

$$P = 1 - 4 \sum_{i=1}^n p_i^2 + 2 (\sum_{i=1}^n p_i^2)^2 + 4 \sum_{i=1}^n p_i^3 - 3 \sum_{i=1}^n p_i^4 \quad (\text{Jamieson y Taylor 1997})$$

- PE-PP: Probabilidad de exclusión cuando se tiene un par de candidatos

Si la paternidad es falsamente atribuida a dos parientes, los tres genotipos son probados con marcadores codominantes.

$$P = 1 + \sum_{i=1}^n [p_i^2 (2-p_i)]^2 - 2 [\sum_{i=1}^n p_i^2 (2-p_i)]^2 + 4 (\sum_{i=1}^n p_i^3)^2 - 4 \sum_{i=1}^n p_i^6 \quad (\text{Grundel y Reets 1981})$$

La cual es expresada en poderes de pi (Jamieson y Taylor 1997):

$$P = 1 + 4 \sum_{i=1}^n p_i^4 - 4 \sum_{i=1}^n p_i^5 - 3 \sum_{i=1}^n p_i^6 - 8 (\sum_{i=1}^n p_i^2)^2 + 8 (\sum_{i=1}^n p_i^2) (\sum_{i=1}^n p_i^3) + 2 (\sum_{i=1}^n p_i^3)^2$$

- Probabilidad de exclusión acumulada para “k” loci microsatélites analizados es hallada mediante la siguiente formula (Jamieson y Taylor, 1997):

$$P = 1 - (1 - P_1) (1 - P_2) (1 - P_3) \dots (1 - P_k)$$

Donde: P = Probabilidad de Exclusión acumulada; P_1, P_2, P_3, P_k = Probabilidades de Exclusión de cada locus microsatélites.

d) Asignación de paternidad

La simulación de paternidad se basa en el poder de resolución de los marcadores utilizados en la estimación del valor crítico del LOD (Logaritmo natural de verosimilitud – *odd ratio*) determinando el nivel de significación.

Empleando el software Cervus v2.3.9.2 (Marshall *et al.*, 1998), se realizó una simulación para determinar el grado de confianza de los marcadores microsatélites, tomando en consideración 10000 ciclos para 103 madres candidatos, 28 padres candidatos y un error de tipificación de 0.01.

Para la designación de paternidad, se determinaron las frecuencias alélicas y las simulaciones de paternidad/maternidad con dos niveles de significación de 0.2 y 0.05, las cuales corresponden a condiciones relajadas y estrictas, respectivamente. Se calcularon los LOD para cada uno de las hembras y machos adultos. Según Marshall *et al.* (1998) el LOD score para un posible padre es:

$$\text{LOD} = \ln \left| \frac{L(H_1)}{L(H_2)} \right|$$

Donde H_1 es la hipótesis que el supuesto padre es el verdadero padre de la cría; y H_2 es la hipótesis que el supuesto padre no está relacionado a la madre y cría.

Los resultados fueron evaluados de acuerdo a los valores de delta (Δ) y el LOD. El valor delta es la diferencia entre los LOD de los padres más probables. Un valor positivo implica que el padre designado es el más probable, y un valor negativo ocurre cuando el padre candidato es incompatible.

Para el análisis de paternidad se formaron tres grupos de crías: 40 familias para la unidad de producción 1; 20 familias para la unidad de producción 2; y, 56 familias para la unidad de producción 3, utilizando los registros base proporcionados.

IV. RESULTADOS Y DISCUSIÓN

De los 15 marcadores STR utilizados en este trabajo, ocho fueron recomendados por ISAG en el 2014. Agapito *et al.* (2008) describieron previamente siete STR del total en pruebas de paternidad; 10 fueron descritos por Yalta *et al.* (2014) útiles para estudios de pruebas de paternidad y variabilidad. Mientras que los cinco restantes VOLP04, VOLP32, VOLP55, VOLP72, VOLP77 fueron descritos por Vallejo *et al.* (2012) y propuestos en este estudio para pruebas de paternidad en alpacas huacaya.

4.1. Validación de un panel de microsatélites

El uso de un panel de 15 microsatélites en alpacas, nos ayuda a minimizar tiempo e incrementar la sensibilidad en los controles de filiación (paternidad y/o maternidad).

4.1.1 Frecuencias alélicas

a) Locus LCA66

Se encontró un total de 15 alelos, reportando como alelos únicos: el alelo 235 (1.2%) para la unidad de producción 2, y el alelo 241 (0.6%) para la unidad de producción 3. Siendo el alelo 223 de mayor frecuencia (>26%) en las tres unidades de producción. Los alelos 231 y 249 no se encontraron en la unidad de producción 2; y el alelo 251 no se observó en la unidad de producción 3.

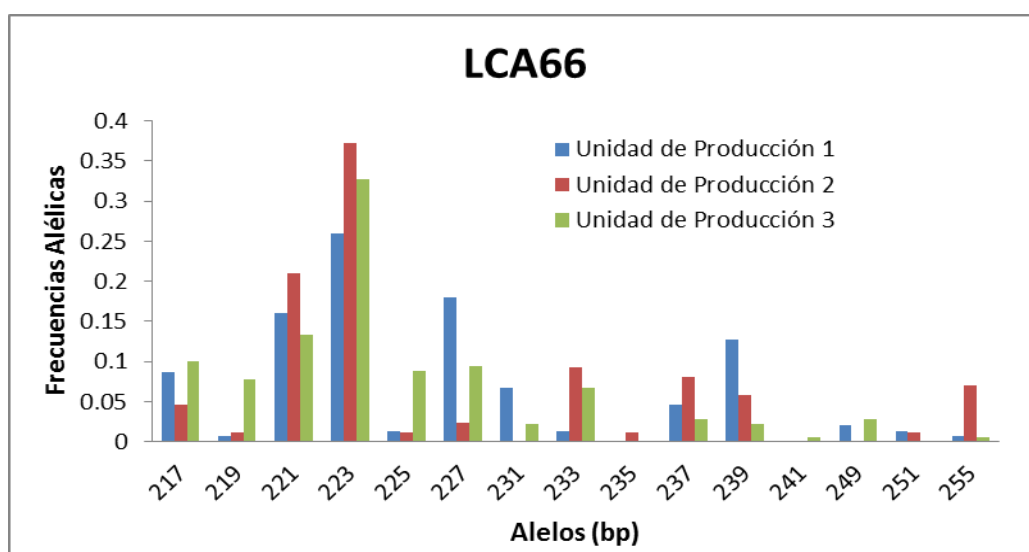


Figura 13. Distribución de las frecuencias alélicas en el locus LCA66

b) Locus LCA05

Se observó un total de 12 alelos; siendo el alelo 202 el de mayor frecuencia (34.5%) en las tres unidades de producción. El alelo 186 (3.0%) y el 208 (0.6%) fueron únicos para las unidades de producción 1 y 3, respectivamente. El alelo 182 y 190 se encuentra ausente para la unidad de producción 2.

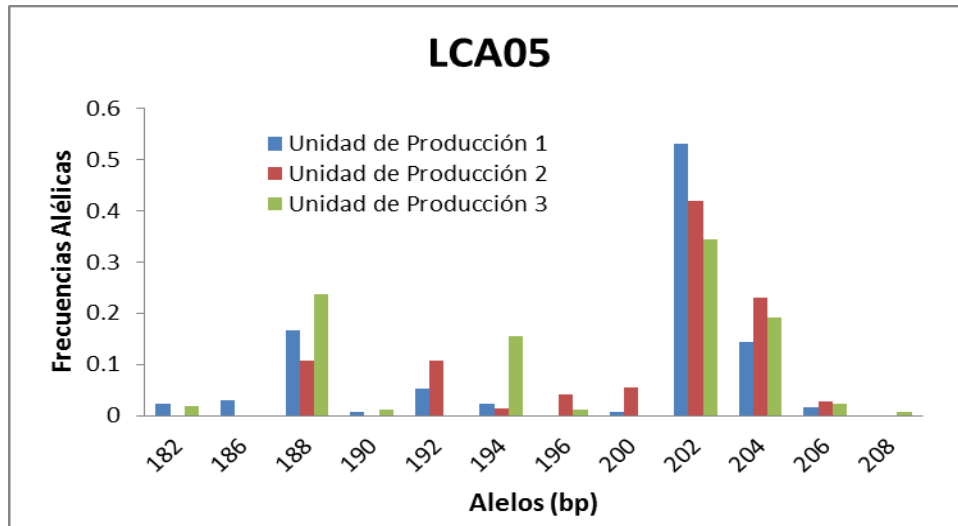


Figura 14. Distribución de las Frecuencias Alélicas en el locus LCA05

c) Locus LCA08

Se reportó que el alelo 252 (1.2%) fue único en la unidad de producción 3 y los alelos 230 y 248 se encontraron ausentes en la unidad de producción 2. El alelo 240 (26.0%) fue el de mayor frecuencia en la unidad de producción 1; como lo fue el alelo 234 (29.0%) en para la unidad de producción 2; y el alelo 228 (40%) en la unidad de producción 3.

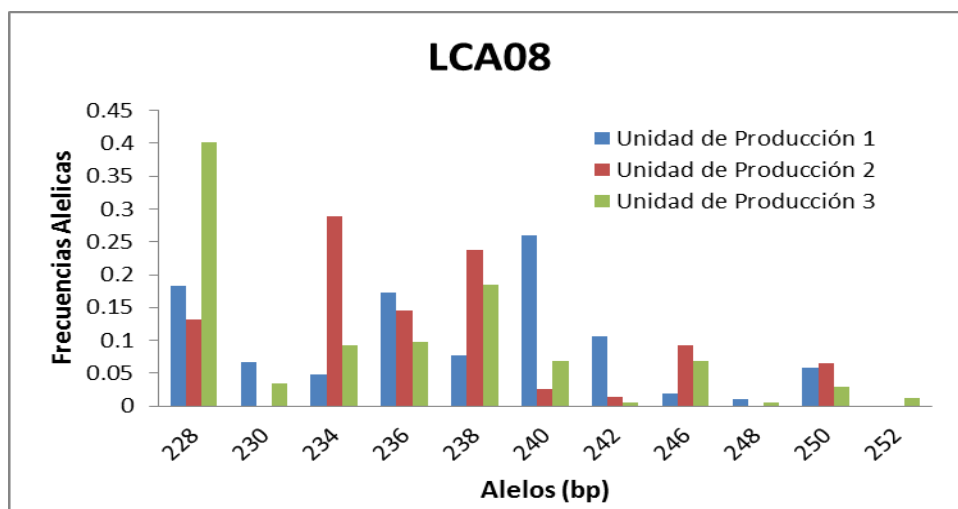


Figura 15. Distribución de las frecuencias alélicas en el locus LCA08

d) Locus LCA94

El alelo 211 (0.8%) fue único para la unidad de producción 1. Mientras que el alelo 191 (>21.8%) fue el de mayor frecuencia y los alelos 189, 193 (< 8.0%) los de menor frecuencia en las tres unidades de producción.

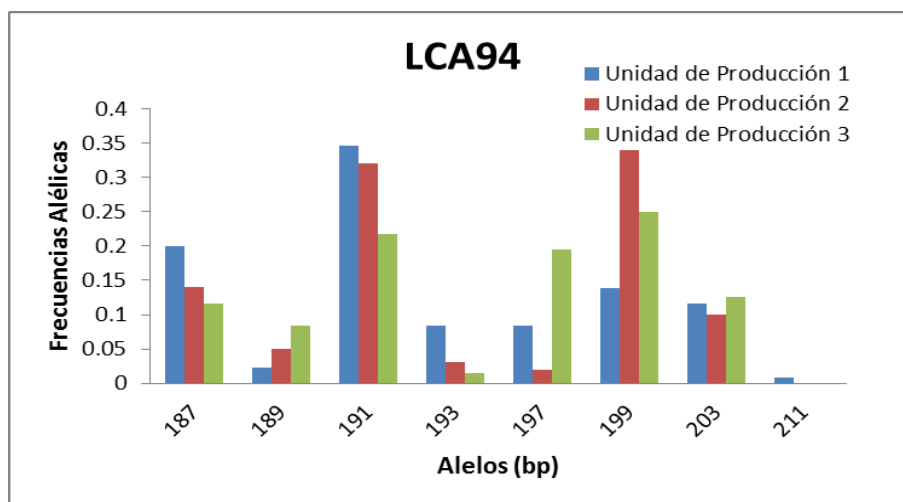


Figura 16. Distribución de las frecuencias alélicas en el locus LCA94

e) Locus LCA37

Se observó un total de 21 alelos, de los cuales siete (124, 140, 146, 156, 164, 176 y 178) fueron únicos en la unidad de producción 3 y dos alelos (126 y 154) en la unidad de producción 1, con frecuencias hasta de 2.7%. El alelo 130 (> 22%) fue el de mayor frecuencia y el alelo 142 el de menor frecuencia (<3.0%) en las tres unidades de producción. Los alelos 138 y 160 no se observaron en las unidades de producción 2 y 1, respectivamente.

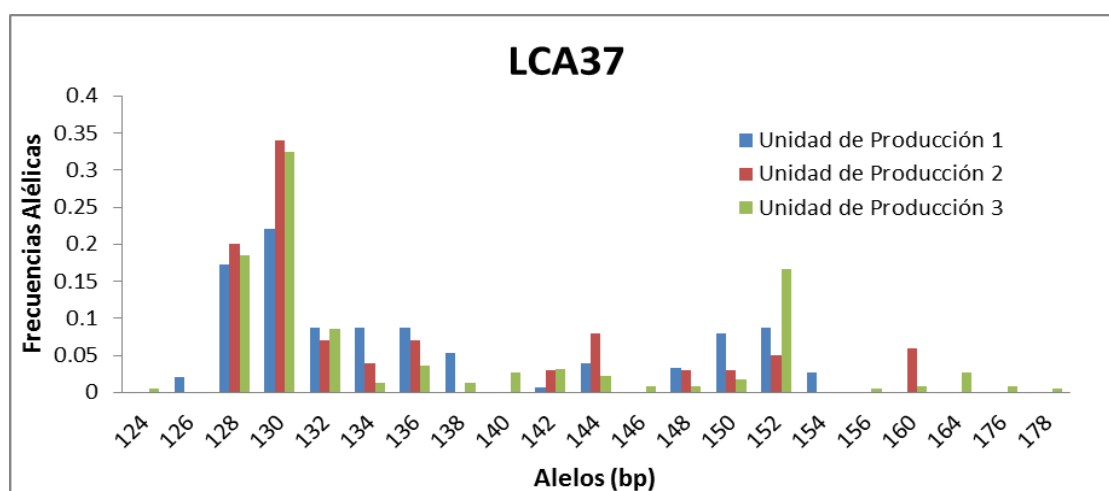


Figura 17. Distribución de las frecuencias alélicas en el locus LCA37

f) Locus LCA90

Se observó un total de 12 alelos para este locus. El alelo 231 (>37.3%) fue el de mayor frecuencia, mientras que los alelos 245 y 257 fueron de menor frecuencia (<4.0%) en las tres unidades de producción. El alelo 227 fue único para la unidad de producción 3 con una frecuencia de 1.3%. Los alelos 235 y 255 no se observaron en la unidad de producción 1; de igual manera lo hicieron los alelos 247 y 259 en la unidad de producción 2. El alelo 229 presenta frecuencias similares para las tres unidades de producción.

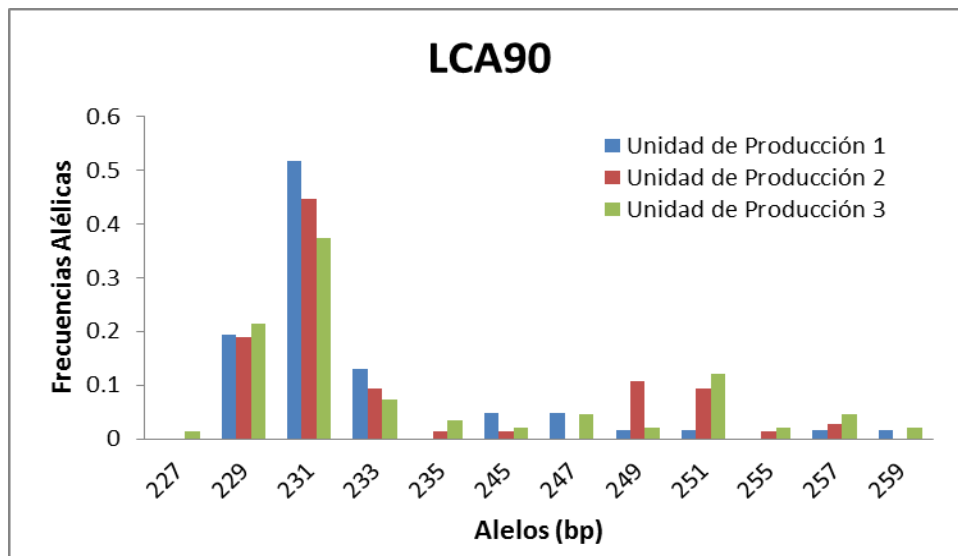


Figura 18. Distribución de las frecuencias alélicas en el locus LCA90

g) Locus YWLL36

Se observó un total de 18 alelos. Los alelos 165 y 175 no se observaron en la unidad de producción 1, al igual que los alelos 141, 151 y 159 en la unidad de producción 2. Los alelos 137 y 167 (0.9% y 2.7%, respectivamente) fueron únicos en la unidad de producción 3. Igualmente el alelo 163 (2.0%) resultó ser único en la unidad de producción 2. El alelo 153 presentó una frecuencia mayor en las unidades de producción 1 y 2 (21.3% y 12.0%, respectivamente); mientras los alelos 147 y 171 (18.8% y 17.9%, respectivamente) presentaron las frecuencias mayores en la unidad de producción 3.

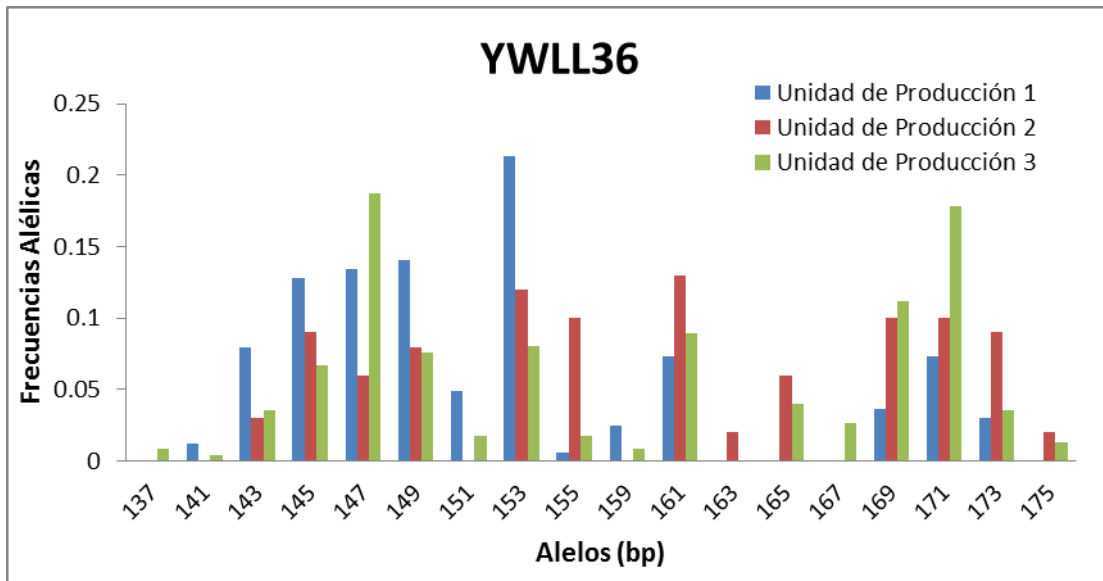


Figura 19. Distribución de las frecuencias alélicas en el locus YWLL36

h) Locus YWLL44

Se encontró un total de 19 alelos para este locus. Los alelos 76 y 124 fueron únicos para la unidad de producción 2, con una frecuencia de 1%; mientras que el alelo 88 es único para la unidad de producción 1, con una frecuencia de 1.3%; y los alelos 100, 104, 108 y 128 fueron únicos para la unidad de producción 3 con frecuencias hasta de 5%. El alelo 114 y 126 se reportaron ausentes en las unidades de producción 1 y 2, respectivamente. El alelo 94 presenta frecuencias similares para las tres unidades de producción.

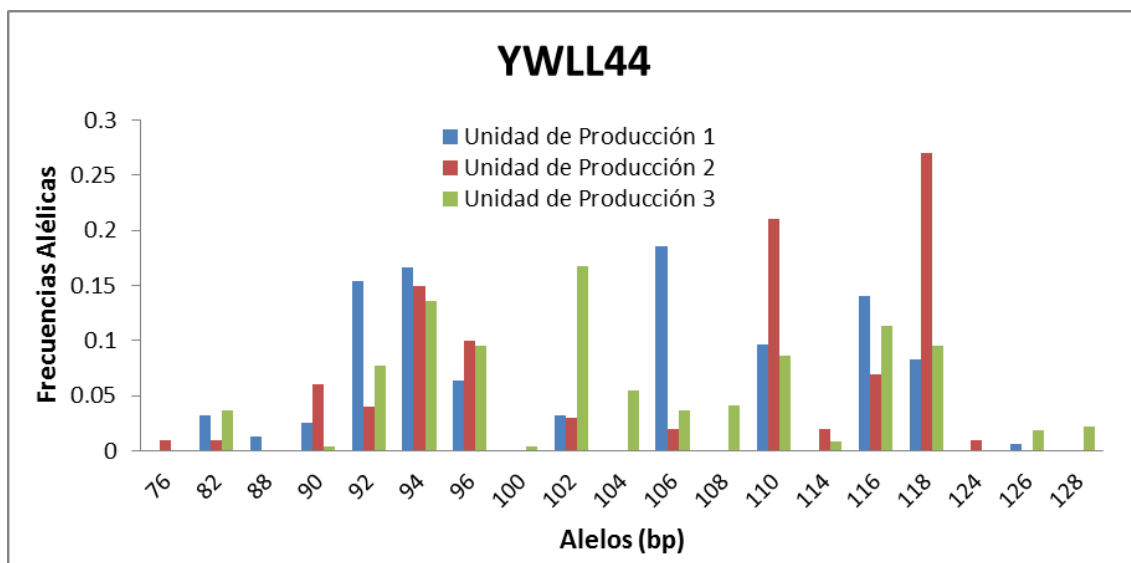


Figura 20. Distribución de las frecuencias alélicas en el locus YWLL44

i) Locus YWLL08

Se observó un total de 32 alelos, de los cuales seis (123, 129, 143, 165, 175 y 187) fueron alelos únicos en la unidad de producción 3, con frecuencia hasta de 1.3%. El alelo 173 (1.3%) fue único en la unidad de producción 1. Los alelos 135, 145, 153, 163, 167 y 183 se encontraron ausentes en la unidad de producción 2; y los alelos 157, 159 y 171 no se observaron en la unidad de producción 1; mientras que en la unidad de producción 3, no se reportó el alelo 185. El alelo 139 (>10.7%) fue de mayor frecuencia para las tres unidades de producción.

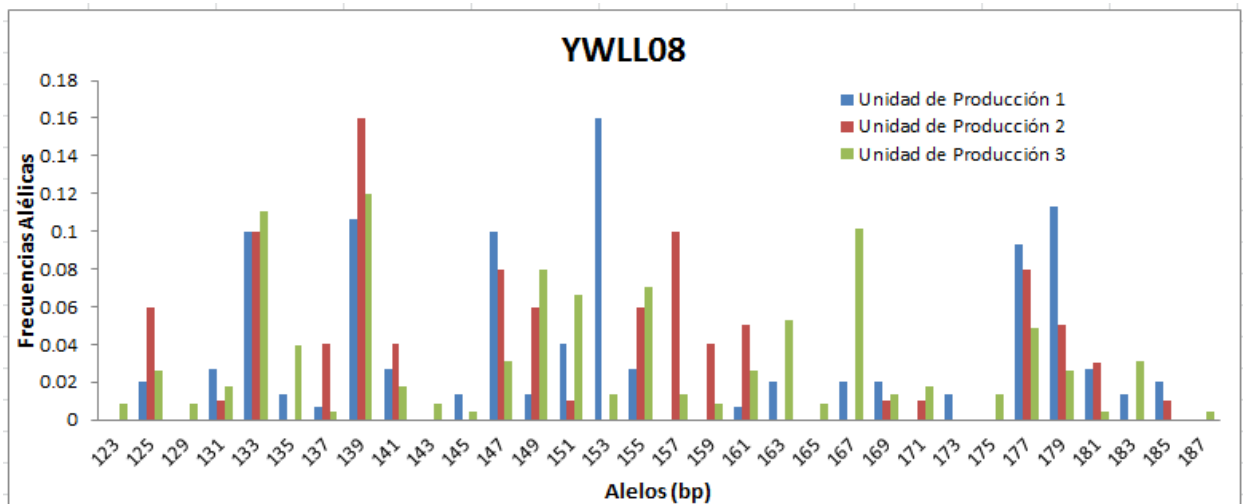


Figura 21. Distribución de las frecuencias alélicas en el locus YWLL08

j) Locus VOLP92

El alelo 203 (>38.7%) fue el de mayor frecuencia en las tres unidades de producción. El alelo 199 se observó ausente en la unidad de producción 2. Los alelos 195 y 211 fueron los de menor frecuencia para las tres unidades de producción (menores a 3.3% y 2.9%, respectivamente).

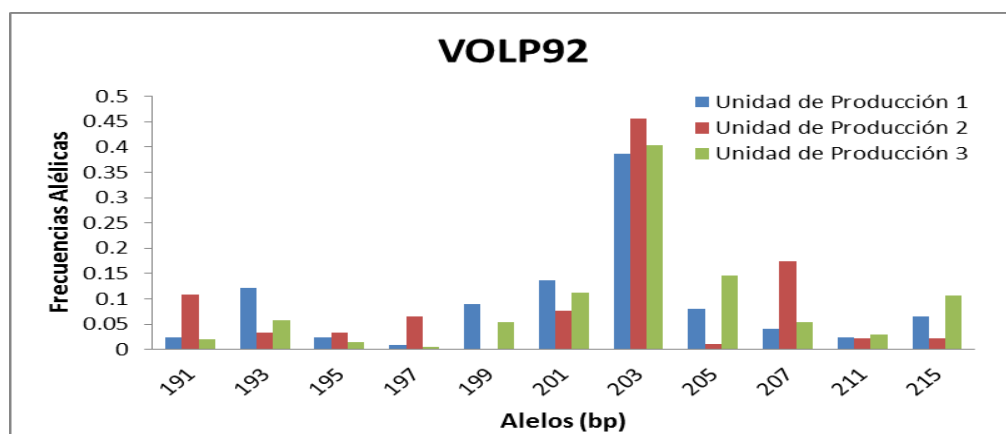


Figura 22. Distribución de las frecuencias alélicas en el locus VOLP92

k) Locus VOLP04

Se reportó un total de 22 alelos, de los cuales ocho (222, 224, 235, 241, 250, 253, 256 y 258) fueron únicos con frecuencias hasta de 2.8% para la unidad de producción 3 y el alelo 240 (2.0%), fue único en la unidad de producción 2. El alelo 246 fue el de mayor frecuencia en las unidades de producción 1 y 3 (24.3% y 40.7%, respectivamente); y el alelo 232 (21.4%) lo fue para la unidad de producción 2.

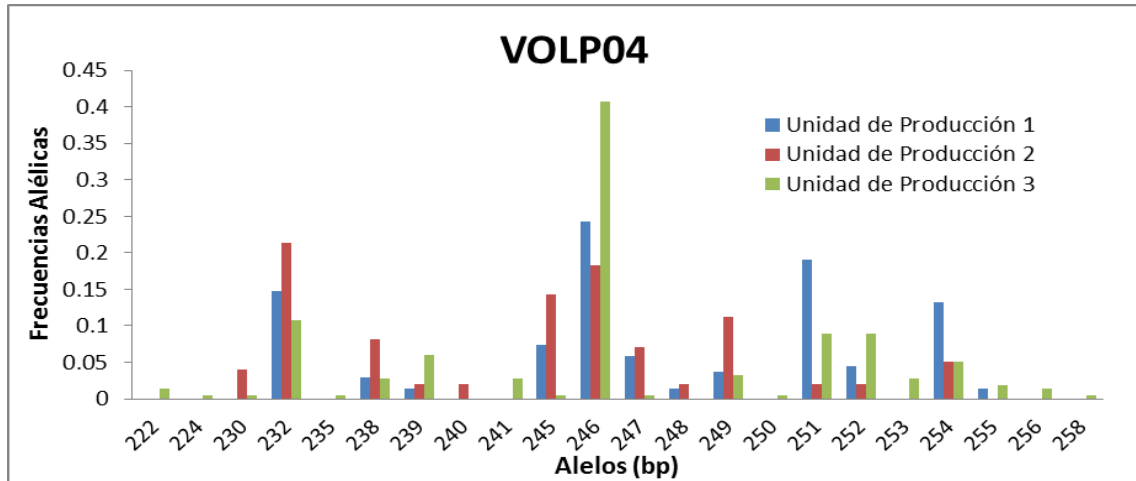


Figura 23. Distribución de las frecuencias alélicas en el locus VOLP04

l) Locus VOLP32

Se observó un total de 19 alelos; de los cuales nueve se encuentran en la unidad de producción 2, donde el alelo 215 (33.7%) reportó la frecuencia más alta. En la unidad de producción 1 se encontró un alelo único (199), con frecuencia de 1.6%, y el alelo 229 (23.4%) con la frecuencia más alta. En la unidad de producción 3 se encontró la frecuencia más alta en el alelo 225 (19.0%).

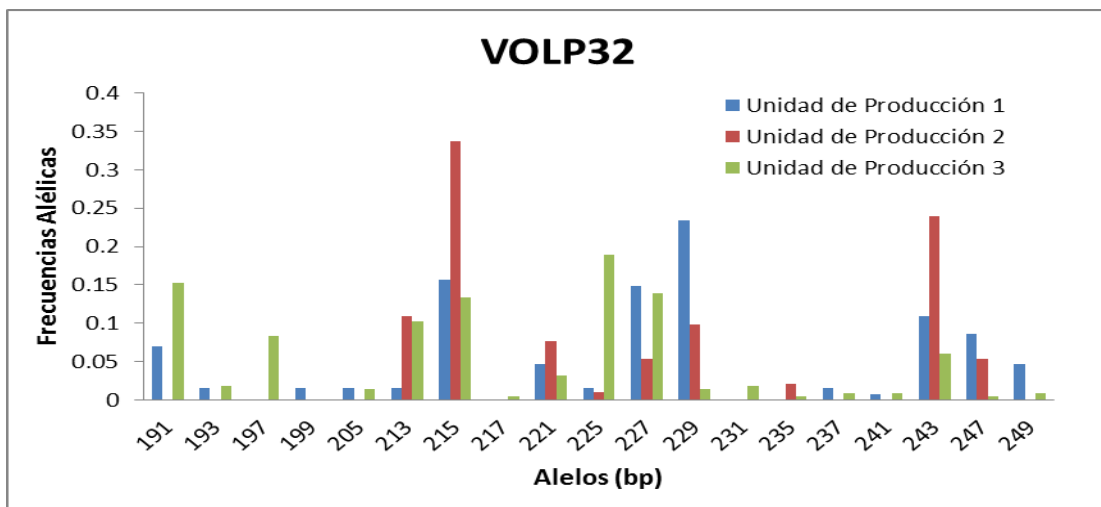


Figura 24. Distribución de las frecuencias alélicas en el locus VOLP32

m) Locus VOLP55

El alelo 168 (29.7%) fue el de mayor frecuencia en la unidad de producción 1, en la cual el alelo 184 (1.5%) fue único. En la unidad de producción 2 los alelos 164 y 166 fueron los de la más alta frecuencia (24.5%). Asimismo, el alelo 166 fue el de mayor frecuencia (30.7%) en la unidad de producción 3; observándose los alelos 176 y 190 como únicos, con frecuencias de 0.5% y 0.9%, respectivamente.

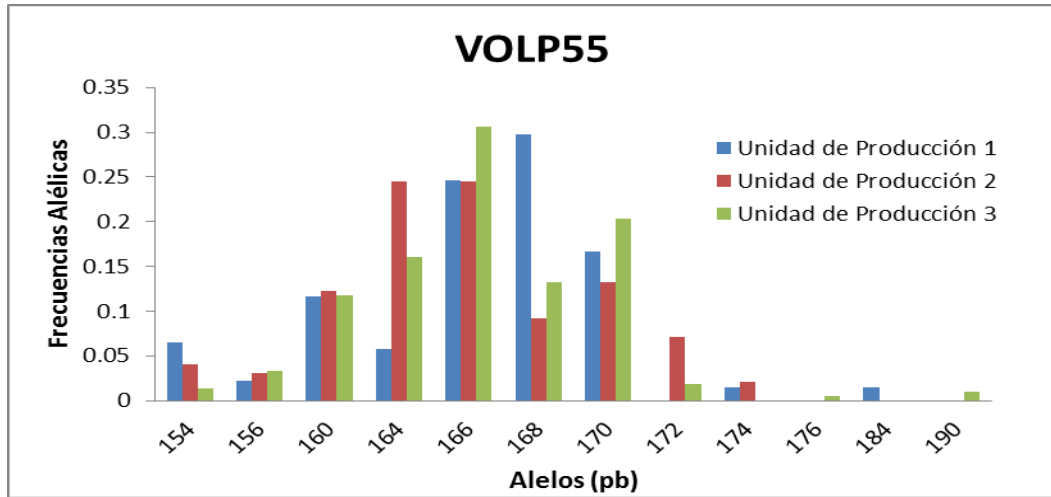


Figura 25. Distribución de las frecuencias alélicas en el locus VOLP55

n) Locus VOLP72

El alelo 182 fue el de menor frecuencia (<3.0%) en las tres unidades de producción. En la unidad de producción 2 el alelo 174 (35.0%) fue el de mayor frecuencia; mientras que el alelo 172 lo fue en las unidades de producción 1 y 3 (30.4% y 48.6%, respectivamente). Los alelos 166 (0.5%) y 178 (0.9%) fueron únicos en la unidad de producción 3.

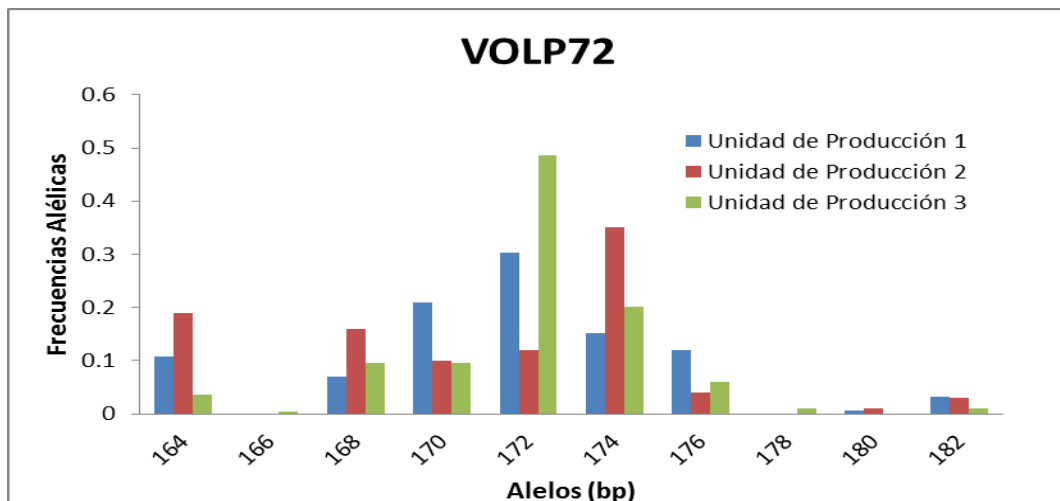


Figura 26. Distribución de frecuencias alélicas en el locus VOLP72

o) Locus VOLP77

Se observó un total de 13 alelos. El alelo 143 (31.8%) fue de mayor frecuencia y el alelo 175 fue único con una frecuencia de 1.7% en la unidad de producción 3. El alelo 151 (31.8%) fue de mayor frecuencia y un alelo 147 fue único, con frecuencia de 6.4% en la unidad de producción 1. En la unidad de producción 2, los alelos con mayor frecuencia (25%) fueron el 143 y 151; estando los alelos 149 y 153 ausentes en la unidad de producción 2. Por otro lado en la unidad de producción 3 no se encontraron los alelos 145 y 165.

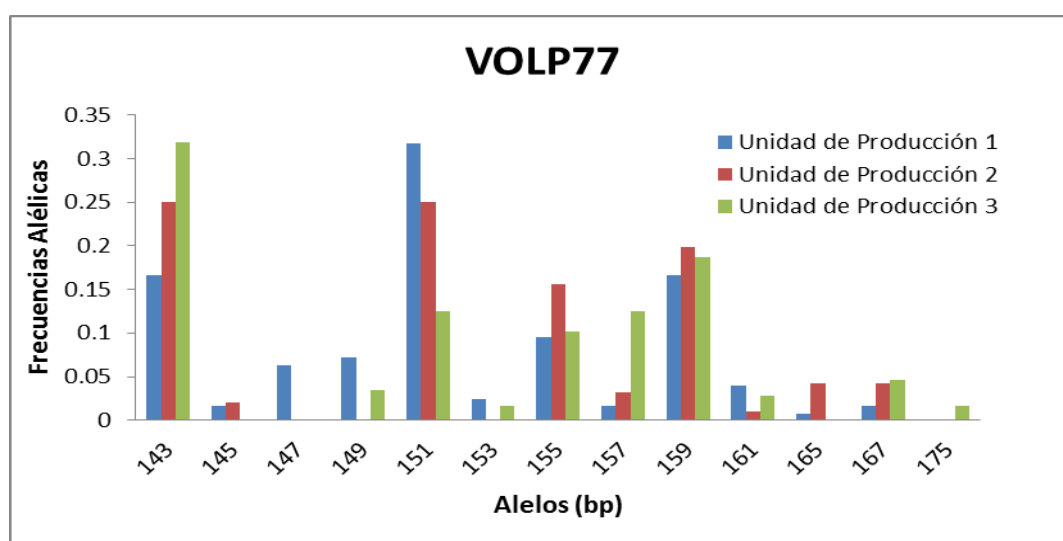


Figura 27. Distribución de las frecuencias alélicas en el locus VOLP77

4.1.2 Número de alelos y contenido de información polimórfica

El número total de alelos (A) identificados con los 15 marcadores microsatélites fue de 235. El mayor número de alelos ($n=32$) se encontró en el locus YWLL08; mientras el menor número ($n=8$) se identificó en el locus LCA94 (Tabla 4). En la Unidad de Producción 1 se presentó un promedio de 11.87 alelos; mientras en la Unidad de Producción 2 el promedio fue de 10.53 alelos; mientras que en la Unidad de Producción 3 se presentaron en promedio 14.13 alelos. Los alelos efectivos (A_e) promedio calculados fueron de 7.30 alelos; siendo el menor valor de A_e para el locus LCA05, con 3.91 y 17.54, el de mayor valor para el locus YWLL08.

Los valores obtenidos fueron mayores comparado a lo descrito por Rodríguez *et al.* (2004); Agapito *et al.* (2008) excepto para el locus LCA66, LCA05; Yalta *et al.* (2014) con excepción de LCA90, LCA94, VOLP92. De la misma manera Barreta *et al.* (2012) reportó

que los locus LCA05, LCA66, VOLP55 presentan un número mayor de alelos analizados en poblaciones de alpacas bolivianas.

El Contenido de Información Polimórfica (PIC) es muy alto (>0.70) para todos los locus, siendo el de menor valor (0.710) para el locus LCA05 y el de mayor valor (0.938) para el locus YWLL08. Los microsatélites con menor PIC son LCA05, LCA37, YWLL08; y los mayores YWLL36, YWLL44 comparando con lo reportado por Yalta *et al.* (2014) y Agapito *et al.* (2008).

Los valores del PIC obtenidos por Yalta *et al.* (2014) son mayores a excepción de YWLL36, LCA66, YWLL44; Agapito *et al.* (2008) reportó un PIC mayor en cuatro marcadores a excepción de YWLL36, LCA08, YWLL44.

Tabla 4. Contenido de Información Polimórfica y Número de Alelos

STR	UNIDADES DE PRODUCCIÓN DE PASCO			A	Ae	PIC
	1	2	3			
	LCA66	13	12			
LCA05	10	8	9	12	3.91	0.710
LCA08	10	8	11	11	6.41	0.824
LCA94	8	7	7	8	5.35	0.786
LCA37	13	11	19	21	6.67	0.834
LCA90	9	9	12	12	4.17	0.733
YWLL36	13	13	17	18	10.64	0.897
YWLL44	12	13	16	19	10.20	0.892
YWLL08	23	19	30	32	17.54	0.938
VOLP92	11	10	11	11	4.76	0.771
VOLP04	12	13	20	22	6.90	0.841
VOLP32	15	9	18	19	9.90	0.889
VOLP55	9	9	10	12	5.78	0.802
VOLP72	8	8	9	10	4.76	0.761
VOLP77	12	9	10	13	6.10	0.813
PROMEDIO	11.87	10.53	14.13	15.67	7.30	0.8213

A: Número de Alelos; Ae: Número de alelos efectivos; PIC: Contenido de Información Polimórfica

4.2. Coeficiente de endogamia

Al analizar sólo los padres por unidad de producción; el valor absoluto del F_{IS} para las unidades de producción fue significativamente diferente de cero. El F_{IS} total mostró que la

heterocigosidad individual fue de 0.232, lo que indica un apareamiento aleatorio en las unidades de producción.

La unidad de producción 1, presento un F_{IS} total positivo (0.377). De igual manera para las unidades de producción 2 y 3 con un F_{IS} total de 0.226 y 0.155, respectivamente; presentando un solo marcador (VOLP55) con valor negativo para ambas unidades de producción (-0.015 y -0.033, respectivamente).

El valor F_{ST} resultó ser bajo (0.02), indicando una baja diferenciación genética entre las tres unidades de producción; el valor promedio de F_{IT} mide la disminución de la heterocigosidad de un individuo en relación a la población total fue de 0.248 (Tabla 5).

Tabla 5. Índice de Fijación (F_{IS} , F_{IT} , F_{ST})

	STR	UNIDADES DE PRODUCCIÓN DE PASCO			TOTAL
		1	2	3	
F_{IS} por locus por unidad de producción	LCA66	0.459	0.357	0.158	0.3091
	LCA5	0.473	0.103	0.054	0.1954
	LCA08	0.395	0.180	0.204	0.2478
	LCA94	0.216	0.141	0.137	0.1572
	LCA37	0.458	0.339	0.230	0.3243
	LCA90	0.754	0.477	0.258	0.3902
	YWLL36	0.282	0.058	0.017	0.1124
	YWLL44	0.223	0.003	0.088	0.1090
	YWLL08	0.114	0.154	0.198	0.1636
	VOLP92	0.265	0.155	0.166	0.1840
	VOLP04	0.186	0.114	0.024	0.0901
	VOLP32	0.677	0.345	0.131	0.3336
	VOLP55	0.061	-0.015	-0.033	-0.0034
	VOLP72	0.689	0.842	0.650	0.7125
	VOLP77	0.485	0.198	0.102	0.2393
Total por unidad de producción	F_{IS}	0.377	0.226	0.155	0.2323
	F_{IT}				0.2477
	F_{ST}				0.0201

4.3. Asignación de parentesco

4.3.1 Probabilidad de coincidencia y discriminación

Al analizar la probabilidad de coincidencia (Tabla 6) para el locus VOLP77, las tres unidades de producción tuvieron un comportamiento similar. Sin embargo, el locus VOLP72 presento probabilidades similares entre las unidades de producción 1 y 2, pero diferentes con la unidad de producción 3. El locus YWLL08 presento la probabilidad más baja para las tres unidades de producción, es decir, ayuda a tener mayor exactitud en la asignación de paternidad. Por otro lado, los locus LCA90 y LCA05 presentaron las probabilidades más altas en las tres unidades de producción, similares probabilidades para las unidades de producción 2 y 3, pero diferente en la unidad de producción 1.

La probabilidad de discriminación nos permite evaluar la capacidad de los marcadores de discriminar a un individuo tomado al azar; se encontró que el locus YWLL08 (94.1%) fue el de mayor poder de discriminación, valores similares obtenidos los locus YWLL 36 y YWLL44. De los 15 marcadores microsatélites evaluados, todos presentaron valores superiores al 70.0%.

Tabla 6. Valores de probabilidad de coincidencia y discriminación por locus

STR	Probabilidad de Coincidencia				PD
	Unidad de Producción 1 (N=83)	Unidad de Producción 2 (N=50)	Unidad de Producción 3 (N=114)	TOTAL (N=247)	
LCA66	0.1568	0.2090	0.1651	0.1571	0.8429
LCA05	0.3348	0.2571	0.2373	0.2581	0.7419
LCA08	0.1585	0.1918	0.2254	0.1584	0.8416
LCA94	0.2073	0.2514	0.1838	0.1887	0.8113
LCA37	0.1216	0.1822	0.1797	0.1520	0.8480
LCA90	0.3262	0.2655	0.2119	0.2424	0.7576
YWLL36	0.1220	0.0928	0.1101	0.0956	0.9044
YWLL44	0.1291	0.1616	0.0997	0.0996	0.9004
YWLL08	0.0860	0.0804	0.0655	0.0593	0.9407
VOLP92	0.2053	0.2637	0.2180	0.2123	0.7877
VOLP04	0.1483	0.1308	0.2032	0.1466	0.8534
VOLP32	0.1316	0.2044	0.1201	0.1028	0.8972
VOLP55	0.1987	0.1691	0.1940	0.1753	0.8247
VOLP72	0.1909	0.2112	0.3008	0.2114	0.7886
VOLP77	0.1775	0.1936	0.1827	0.1665	0.8335

PD: Probabilidad de Discriminación

Los valores de la probabilidad de discriminación en los primeros 10 STR fueron menores a los reportados por Yalta *et al.* (2014), de los cuales siete de ellos son menores a 90.0%. Mientras que Iannacone (2006) reportó que los locus LCA37, LCA94 y VOLP04 presentaron un PD mayor al 90.0%, mayores a los reportados en este estudio.

4.3.2 Probabilidad de exclusión

Al determinar la probabilidad de exclusión de paternidad bajo los supuestos, de conocer alguno de los padres y de no conocerlos, se obtuvo una mayor probabilidad en el segundo de ellos, ya que en el estudio dependen únicamente de la frecuencia del perfil del individuo.

Los estadísticos de paternidad como la probabilidad de exclusión, fueron calculados suponiendo tres situaciones distintas: a) cuando se conoce el genotipo de uno de los padres (PE-1), la probabilidad de exclusión conjunta fue de 0.999994; b) la probabilidad de exclusión (PE-2) fue de 0.99999999 cuando se conoce los genotipos de ambos padres; y, por último, c) cuando se tiene un par de candidatos la probabilidad de exclusión (PE-PP) fue de 0.999999999999999 (Tabla 7).

Tabla 7. Probabilidad de Exclusión por locus

STR	PE-1	PE-2	PE-PP
LCA66	0.539	0.703	0.879
LCA05	0.356	0.537	0.734
LCA08	0.523	0.690	0.863
LCA94	0.453	0.629	0.810
LCA37	0.549	0.710	0.883
LCA90	0.390	0.572	0.774
YWLL36	0.675	0.806	0.940
YWLL44	0.663	0.798	0.935
YWLL08	0.787	0.881	0.976
VOLP92	0.446	0.627	0.827
VOLP04	0.565	0.724	0.895
VOLP32	0.657	0.793	0.933
VOLP55	0.481	0.654	0.831
VOLP72	0.420	0.599	0.787
VOLP77	0.505	0.673	0.849
PEC	0.999994	0.99999999	0.999999999999999

PE-1: Cuando se conoce el genotipo de uno de los padres;
PE-2: Cuando se conoce los genotipos de ambos padres; PE-PP: Cuando se tiene un par de padres candidatos; PEC: Probabilidad de exclusión conjunta

Los valores obtenidos fueron mayores a los reportados por Yalta *et al.* (2014) usando los 10 primeros STR, obteniendo un 99.9% considerando solo los loci LCA37, LCA08, YWLL36, YWLL44, YWLL08; y Agapito *et al.* (2008) empleando siete STR del presente estudio, obteniendo un 99.9% con los mismos loci anteriores cambiando LCA08 por el loci LCA66. De igual forma Munyard *et al.* (2009) presento una menor probabilidad de exclusión empleando microsatélites tetranucleotidos en alpacas de Australia comparado con el presente trabajo.

4.3.3 Asignación de paternidad / maternidad

Se realizaron pruebas de maternidad y paternidad con la información de los animales genotipados muestreados, usando criterios de restricción al 0.20 (relajado) y 0.05 (estricto) de nivel de significación.

En la Unidad de Producción 1 (Anexo 7), se logró verificar la información obtenida en campo (registros) y asignar (ausencia de información) la paternidad de las crías. De los 40 casos obtenidos según registros (presunta madre, padre y cría), se encontró un 55.0% de error en la asignación de paternidad ($LOD = -8.25E-01$ a $-2.27E+01$), es decir, las madres y padres no coinciden con los genotipos de las crías. El 32.5% de los casos coinciden en la paternidad con un nivel de significancia de 0.20; y, el 12.5% de los casos sólo logró asignar los padres a las crías.

En la verificación de los registros obtenidos en la Unidad de Producción 2 (Anexo 8), se logró asignar la paternidad del 100% de las crías. El 45.0% de la verificación de paternidad (presuntos padres y madres) de los individuos fue con un 0.20 de nivel de significancia; mientras el 55% restante presentó un nivel de significancia de 0.05. Se asignó el 20% de los padres restantes según los registros.

En la verificación de paternidad en la Unidad de Producción 3 (Anexo 9), de 56 casos se reportó que en un 16.07% de individuos se asignó sólo padres; tres de 56 casos (5.36%) presentaron errores en el trio (presunto padre, madre y cría) de paternidad ($LOD = -3.01E+00$ a $-1.60E+01$). El 35.71% de los casos tienen un nivel de significación del 0.20; mientras que el 42.86% (24 casos) tienen un nivel de significancia de 0.05.

V. CONCLUSIONES

- Según los resultados obtenidos sobre el número de alelos, el contenido de información polimórfica, alelos efectivos, poder de exclusión, es posible obtener un 99.99% de asignación de paternidad considerando solo los loci LCA37, LCA66, LCA08, YWLL36, YWLL44, YWLL08, VOLP04, VOLP32. Es decir, se valida los 15 marcadores microsatélites utilizados en las diferentes regiones de gran importancia en el sector camélido a nivel nacional para pruebas de paternidad en alpacas.
- El coeficiente de endogamia es alto para las alpacas (progenitores) procedentes del núcleo disperso de las tres unidades de producción de Pasco, donde la unidad de producción 1, tiene un nivel muy alto (0.377); la unidad de producción 2, un nivel alto (0.226); y un nivel mediano (0.155) para la unidad de producción 3. También obtuvo una diferenciación genética pequeña de 0.0201 para las tres unidades de producción.
- Con un nivel de significación de 0.20 y 0.05 se asigna los padres a las crías en las tres unidades de producción. En la unidad de producción 1, se logra asignar el 12.5% de los casos; para la unidad de producción 2, se asigna el 20% de los casos; y, en la unidad de producción 3, se asigna el 16.1% de los casos.
- De los 116 casos de verificación de paternidad en total, solo 77 (66.4%) coinciden con los registros obtenidos en campo en las tres unidades de producción. La unidad de producción 1 fue la de menor coincidencia (32.5%), solo 13 de los 40 casos en total; seguido de la unidad de producción 3 (78.6%), solo 44 de los 56 casos en total y, por último la unidad de producción 2 (100% de exactitud).

VI. RECOMENDACIONES

- Evaluar las siguientes generaciones para observar cambios a largo plazo (coeficiente de endogamia) causados por la selección artificial.
- Incluir el número de marcadores microsatélites específicos para la especie y recomendados para paternidad cuando no hay información de registros genealógicos.
- Elaborar la reconstrucción de genealogías en alpacas una vez obtenidas las pruebas de paternidad.

VII. REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

AGAPITO J., RODRÍGUEZ J., HERRERA-VELIT P., TIMOTEO O., ROJAS P., BOETTCHER P., GARCÍA F. y ESPINOZA J. 2008. Parentage testing in alpacas (*Vicugna pacos*) using semi-automated fluorescent multiplex PCRs with 10 microsatellite markers. *Animal Genetics* 39: 201-203.

ARANGUREN-MÉNDEZ y JORDANA 2001. Utilización de marcadores de ADN (microsatélites) en poblaciones de animales domésticos en peligro de extinción. Artículos libres. Asociación Venezolana de Producción Animal (<http://www.avpa.ula.ve/>).

BARRETA J., IÑIGUEZ V., SAAVEDRA V., ROMERO F., CALLISAYA A.M., ECHALAR J., GUTIÉRREZ-GIL B. y ARRANZ J-J. 2012. Genetic diversity and population structure of Bolivian alpacas. *Small Ruminant Research* 105: 97-104.

BELKHIR, K.; BORSA, L.; CHIKHI, N. y BONHOMME F. 2003. Genetix: 4.05 Logiciel sous WindowsTM pour la genétique des populations. Laboratoire Genoma Populations, Interactions, Adaptations. Montpellier. France.

BOSTEIN, D.; WHITE, R.; SKOLNICK, M. y DAVIS, R. 1980. Construction of genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms. *Amer Jour Hum Gent.* Vol. 32: 314 – 331.

BRIONES y VALDIVIA. 1985. Defectos anatómicos en el camélido sudamericano doméstico. IDESA (Chile), Vol. 9: 41-44

BUSTAMANTE A.; ZAMBELLI A.; DE LAMO D.; VON THUNGEN y VIDAL-RIOJA L. 2002. Genetic variability of guanaco and llama populations in Argentina. *Small Ruminant Research* 44: 97-101.

BUTLER J. 2005. Forensic DNA typing: biology, technology, and genetics of STR markers. United States of America: Elsevier Academic Press. ISBN 0-12-147952-8.

BUXADÉ C. 1995. Zootecnia: Bases de Producción Animal. Tomo V: Genética, patología, higiene y residuos animales. Impreso en España. Ediciones Mundi-Prensa. ISBN: 84-7114-568-5. pp. 55 - 75.

CORNELL UNIVERSITY, IPGRI. 2004. Medidas de la diversidad genética. Consultado el 08 de Enero del 2016.

DA SILVA E., MCMANUS C., SOUZA M.P., GOUVEIA A., FACÓ O., PIMENTEL D., RODRIGUES A. y REZENDE S. 2014. Validation of a microsatellite panel for parentage testing of locally adapted and commercial goats in Brazil. *Genetic and Molecular Biology* 37, 1: 54-60

DELGADO DE LA FLOR I. 2014. Caracterización de nuevos marcadores genéticos microsatélites e identificación de SNP en el gen de Tricohialina en alpacas (*Vicugna pacos*). Tesis para optar el grado de Magister en Bioquímica y Biología Molecular UPCH. Escuela de Postgrado. Lima - Perú. pp. 25 - 29.

DUNNER, S. y CAÑÓN, J. 2001. Aplicaciones de Genómica en Laboratorios de Producción Animal. Laboratorio de Genética. Facultad de Veterinaria de la UCM. Madrid - España.

EVDOTCHENKO D., HAN Y., BARTENSCHLAGER H., PREUSS S. y GELDERMANN H. 2003. New polymorphic microsatellite loci for different camel species. *Molecular Ecology Notes*. 3:431-434.

FAO (Organización de las Naciones Unidas para la Alimentación y la Agricultura). 2012. Directrices voluntarias sobre la gobernanza responsable de la tenencia de la tierra, la pesca y los bosques en el contexto de la seguridad alimentaria.

FRANKHAM R., BRISCOE D. y BALLOU J. 2002. Introduction to conservation genetics. United kingdom: Cambridge University press. pp.617. ISBN 0-521-63985-9 (paperback), 0-521-63014-2 (hardback)

GARRITSEN C., VAN MARLE-KÖSTER E., SNYMAN M.A. y VISSER C. 2015. The impact of DNA parentage verification on breeding value estimation and sire ranking in South African Angora goats. *Small Ruminant Research* 124: 30-37.

GENTRY, A.; CLUTTON-BROCK, J. y GROVES, C. 2004. The naming of wild animal species and their domestic derivatives. *Journal Archaeological Science* 31: 645 - 651.

GOUDET, J. 2002. FSTAT, a program to estimate and test gene diversities and fixation indices (version 2.9.3.2). University of Lausanne, Department of Ecology and Evolution, Lausanne, Switzerland.

GRABER R. y MORRIS J. 1983. General equation for the average power of exclusion for genetic system of n co-dominant alleles in one-parent and in no-parent cases of disputed parentage. *Inclusion Probabilities in Parentage Testing*. American Association of Blood Banks. Arlington, WV. pp.277-280.

GRUNDEL H y REETS I. 1981. Exclusion probabilities obtained by biochemical polymorphisms in dogs. *Animal Blood Groups and Biochemical Genetics* 12:123-32.

HEMMER, H. (1990). *Domestication: The decline of environmental appreciation*. Cambridge, Cambridge University Press.

HUANCA-MAMANI P. y ARTEAGA-VOIGT D. 2014. Parentesco genético en dos grupos familiares de *Vicugna vicugna* (Molina, 1782) del altiplano boliviano. *J. Selva Andina Anim. Sci.* 1(2): 18-27.

IANNACONE, G. 2006. Uso de marcadores microsatélites en la determinación de la paternidad en alpacas de raza Huacaya. Tesis para optar el Grado de Magister Scientiae. UNALM. Especialidad en Producción Animal. Escuela de Post Grado. Lima - Perú. pp. 57 - 97.

INEI (Instituto Nacional de Estadística e Informática, PE). 2012. IV Censo Nacional Agropecuario. Lima, PE.

ISAG. 2014. Camelid Genetics and Genomics Workshop. Conference Xi'an, China. Comparison Test.

JAMIESON A. 1965. The genetics of transferrin in cattle. *Heredity* 20: 419-41.

JAMIESON A. 1979. Electromorphs and erroneous pedigree. *Proceedings of the XVIITH International Conference on Animal Blood Groups and Biochemical Polymorphisms, Leningrad 1978*. Vol. 4. The National Committee of the USSR, p.27 (abstract).

- JAMIESON A. 1994. The effectiveness of using co-dominant polymorphic allelic series for (1) checking pedigrees and (2) distinguishing full-sib pair members. Festschrift in Honour of Dr Clyde J. Stormont. *Animal Genetics* 25: 37-44.
- JAMIESON A y TAYLOR S. 1997. Comparison of three probability formulae for parentage exclusion. *Animal Genetics* 28: 397-400.
- JIMENEZ, P. y COLLADA, C. 2000. Técnicas para la evaluación de la diversidad genética y su uso en los programas de conservación. *Investigación agraria: Sistemas y Recursos Forestales. Chile. Vol. 2: 237-248.*
- JONES DA. 1972. Blood samples: probability of discrimination. *Journal of the Forensic Science Society, Vol. 12: 355-359.*
- KADWELL M., FERNANDEZ M., STANLEY H., BALDI R., WHEELER J., ROSADIO R. y BRUFORD M. 2001. Genetic analysis reveals the wild ancestors of the llama and the alpaca. *The Royal Society Lond. B* 268: 2575-2584.
- LA MANNA V., LA TERZA A., GHEZZI S., SARAVANAPERUMAL S., APAZA N., HUANCA T., BOZZI R. y RENIERI C. 2011. Analysis of genetic distance between Peruvian alpaca (*Vicugna pacos*) showing two distinct fleece phenotypes, suri and huacaya, by means of microsatellite markers. *Italian Journal of Animal Science. Vol 10:e60.*
- LAMO D. 2011. Camélidos sudamericanos: Historia, usos y sanidad animal. Servicio Nacional de Sanidad y Calidad Agroalimentaria (SENASA) - Argentina. pp 1-37.
- LANG K.; WANG Y. y SASKATCHEWAN P. 1996. Fifteen polymorphic dinucleotide microsatellites in llamas and alpacas. *International Society for Animal Genetics. 27: 285-294.*
- LUIKART G., BIJU-DUVAL M-P., ERTUGRUL O., ZAGDSUREN Y., MAUDET C. y TABERLET P. 1999. Power of 22 microsatellites markers in fluorescent multiplexes for parentage testing in goats (*Capra hircus*). *Animal Genetics* 30:431-438.
- MUELLER J. 2008. Programa de Mejoramiento Genético de Pequeños Rumiantes. CD: III Seminario sobre Mejoramiento Genético en Ovinos: Desafíos, oportunidades y perspectivas. Junio 23-25, Uruguay.

- MATTEI J. 2002. *El genoma humano* (Ethical eye: the human genome). La Mirada de la Ciencia. Madrid: Council of Europe/Editorial Complutense. Glosario (p. 201). ISBN 84-7491-665-8.
- MARÍN J., ZAPATA B., GONZALEZ B., BONACIC C., WHEELER J., CASEY C., BRUFORD M., PALMA R., POULIN E., ALLIENDE M. y SPOTORNO A. 2007. Sistemática, taxonomía y domesticación de alpacas y llamas: nueva evidencia cromosómica y molecular. *Revista Chilena de Historia Natural* 80: 121-140.
- MARÍN J. 2012. Genética e historia evolutiva de camélidos sudamericanos. VI Congreso Mundial de Camélidos Sudamericanos, Arica - Chile, p.85-91.
- MARSHALL T., SLATE J., KRUK L. y PEMBERTON J. 1998. Statistical confidence for likelihood-based paternity inference in natural populations. *Molecular Ecology* 7: 639-55.
- MOMMENS G., VAN ZEVEREN A. y PEELMAN L. 1998. Effectiveness of bovine microsatellites in resolving paternity cases in American bison, *Bison bison* L. *Animal Genetics* 29: 12-18.
- MULLIS, K. 1990. Target amplification for ADN analysis by the polymerase chain reaction. *Ann Biol Clin (Paris)*. Vol. 48(8): 579 - 582.
- MUNYARD K., LEDGER J., LEE C., BABRA C. y GROTH D. 2009. Characterization and multiplex genotyping of alpaca tetranucleotide microsatellite markers. *Small Ruminant Research* 85: 153-156.
- OBREQUE V., MANCILLA R., GARCIA-HUIDOBRO J., COTHRAN E. y HINRICHSEN P. 1999. Thirteen new dinucleotide microsatellites in Alpaca. *Anim. Genet.* 30: 397-398.
- PAREDES G. 2013. Caracterización molecular de las llamas (*Lama glama*) Ch'aku y Ccara del banco de germoplasma de alpacas y llamas del centro experimental Ilpa-Inia anexo Quimsachata, usando marcadores microsatélites (SSR). Tesis para optar el título de Biólogo - UNALM. Lima - Perú. pp. 18 - 39.

- PAREDES M., MEMBRILLO A., AZOR P., MACHACA J., TORRES D. y MUÑOZ A. 2013. Genetic and phenotypic variation in five populations of huacaya alpacas (*Vicugna pacos*) from Peru. *Small Ruminant Research* 111: 31-40.
- PAUCAR R. 2011. Utilización de marcadores SNP en la mejora genética de poblaciones alto-andinas de alpacas. Tesis de Máster en Agrobiotecnología. Universidad Pública de Navarra. España. pp. 22 - 30.
- PENEDO M., CAETANO A. y CORDOVA K. 1998. Microsatellite markers for South American Camelids. *Animal Genetics* 29: 411-2.
- PENEDO M., CAETANO A. y CORDOVA K. 1999. Eight microsatellite markers for South American camelids. *Animal Genetics* 30: 166-167.
- PONZONI R. 1996. Manual de prácticas de manejo de alpacas y llamas. *Estudio Producción y Sanidad Animal*. Rome, Italy: Vol. 130. FAO.
- RIOJAS V., GÓMEZ J.C., SALINAS J., MONTES DE OCA R. y WONG A. 2006. Confiabilidad del análisis de ADN en pruebas de paternidad para bovinos Brahman y Brangus en México. *Ciencia UANL* Vol. IX, N° 1, pp. 41-50.
- RIVAS, E.; VELI, E.; AQUINO, Y.; RIVAS, V.; PASTOR S. y ESTRADA R. 2011. Acciones para la caracterización y conservación del bovino criollo peruano (*Bos taurus*). *Animal Genetic Resources*. Vol 40, p. 33 - 42.
- RODRÍGUEZ J., WHEELER J. DOOD C., BRUFORD M y ROSADIO R. 2004. Determinación de parentesco en alpacas (*Vicugna pacos*) por medio del análisis de ADN microsatélite. *Rev. Inv. Vet Perú* 15 (2): 113-119.
- SAMBROOK J. y RUSSELL D. 1989. *Molecular Cloning: A Laboratory Manual*. 3rd Edition. Cold Spring Harbor Laboratory Press.
- SARNO R.; DAVID V.; FRANKLIN W.; O'BRIEN S. y JOHNSON W. 2000. Development of microsatellite markers in the guanaco, *Lama guanicoe*: utility for South American camelids. *Molecular Ecology*. 9: 1922–1924.
- SCHNABEL R., WARD T. y DERR J. 2000. Validation of 15 microsatellites for parentage testing in North American bison, *Bison bison* and domestic cattle. *Animal Genetics* 31: 360-366.

- SPENCER P., WILSON K. y TINSON A. 2010. Parentage testing of racing camels (*Camelus dromedarius*) using microsatellite DNA typing. *Animal Genetics* 41: 662-665.
- VALLEJO A., YALTA C., VELI E. y CERNA D. 2012. Diversidad y estructuración genética de alpacas de color de la Región Puno (Perú). VI Congreso Mundial de Camélidos Sudamericanos, Arica - Chile, p.115.
- VILELA J. y ASPARRIN M. 2012. Estimación de coeficientes de consanguinidad en una población de alpacas. VI Congreso Mundial de Camélidos Sudamericanos, Arica - Chile, p.141.
- WHEELER, J.; RUSSEL, A. y REDDEN, R.1995. Llamas and alpacas: pre-conquest breeds and post-conquest hybrids. *J ArchaeologicalSci* 22: 833-840.
- WHEELER J. 2005. El debate sobre el origen de la alpaca. *Rev. Acad. Peru Cienc. Vet.* 5-6 (1): 40-43.
- WRIGHT, S. 1951. The genetical structure of populations. *Annals of eugenics* 15: 323-354.
- YALTA C., VIVANCO H. y VELI E. 2012. Análisis genético poblacional de alpacas huacaya (*Vicugna pacos*) de la Región Puno utilizando SSR. VI Congreso Mundial de Camélidos Sudamericanos, Arica - Chile, p.165.
- YALTA C., SOTIL G. y VELI E. 2014. Variabilidad genética y detección de error en filiación utilizando microsatélites en dos rebaños de alpacas huacaya (*Vicugna pacos*). *Salud tecnol. Vet.* 2: 134-145.
- ZHANG Y., WANG Y., SUN D., YU Y. y ZHANG Y. 2010. Validation of 17 microsatellites markers for parentage verification and identity test in Chinese holstein cattle. *Asian-Aust. J. Anim. Sci.* Vol.23, N°4: 425-429.

VIII. ANEXOS

Anexo 1. Ficha de campo de la unidad de producción 1

N°	Código de Laboratorio	INDIVIDUO				MADRE			PADRE			OBSERVACIONES
		ARETE	F. NAC.	SEXO	N° FOTO	ARETE	EDAD	N° FOTO	ARETE	EDAD	N° FOTO	
1	AP-292	PJ.0802		H								
2	AP-293	5S040	02/01/2015	H		PJ.0802			10C-83			
3	AP-294	PJ.0808		H								
4	AP-295	5S045	13/02/2015	M		PJ.0808			10C-83			
5	AP-296	2S-002		H								
6	AP-297	5S062	14/02/2015	H		2S-002			10C-83			
7	AP-298	PJ.0911		H								
8	AP-299	5S050	21/01/2015	H		PJ.0911			10C-83			
9	AP-300	S2-020		H								
10	AP-301	5S048	21/01/2015	H		S2-020						
11	AP-302	2S-020		H								
12	AP-303	5S044	18/01/2015	H		2S-020			10C-83			
13	AP-304	10206		H								
14	AP-305	5S037	17/01/2015	M		10206			Y-51385			
15	AP-306	2571		H								
16	AP-307	5S056	07/02/2015	H		2571						
17	AP-308	10254		H								
18	AP-309	5S043	25/01/2015	M		10254			078			
19	AP-049	S1-010		H								
20	AP-310	5S042	18/01/2015	H		S1-010			Y-51385			
21	AP-311	S1-012		H								
22	AP-312	5S039	18/01/2015	M		S1-012			Y-51385			
23	AP-313	10116		H								
24	AP-314	5S041	18/01/2015	M		10116			10C-83			
25	AP-315	PJ.0803		H								

26	AP-316	5S047	03/02/2015	M		PJ.0803			294			
27	AP-317	S1-014		H								
28	AP-318	5S058	07/02/2015	H		S1-014			10C-83			
29	AP-319	PJ.0913		H								
30	AP-320	5S060	08/02/2015	H		PJ.0913			Y-51385			
31	AP-321	S2-022		H								
32	AP-322	5S049	03/02/2015	M		S2-022			10C-83			
33	AP-323	10204		H								
34	AP-324	5S054	26/01/2015	H		10204			Y-51385			
35	AP-325	S2-018		H								
36	AP-326	5S053	08/02/2015	M		S2-018			0799			
37	AP-327	PJ.0906		H								
38	AP-328	5S051	03/02/2015	M		PJ.0906			Y-51385			
39	AP-329	PJ.0904		H								
40	AP-330	5S052	26/01/2015	H		PJ.0904			078			
41		PJ.0917		H								
42	AP-331	5S057	13/02/2015	M		PJ.0917						
43	AP-332	PJ.0902		H								
44	AP-333	5S055	11/02/2015	M		PJ.0902			0799			
45	AP-334	10207		H								
46	AP-335	5S046	20/01/2015	H		10207			4219			
47		S1-026		H								
48	AP-336	5S059	21/02/2015	M		S1-026						
49	AP-337	PJ.1-02		H								
50	AP-338	5S064	27/02/2015	H		PJ.1-02			Y-51385			
51	AP-339	PJ.0805		H								
52	AP-340	5S061	05/03/2015	M		PJ.0805			10C-83			
53	AP-341	S2-030		H								
54	AP-342	5S063	09/03/2015	M		S2-030						

55	AP-343	PJ.0908		H							
56	AP-344	5S066	10/03/2015	H		PJ. 0908					
57	AP-345	2408		H							
58	AP-346	5S002	04/02/2015	H		2408			10C-83		
59	AP-348	5S001	06/01/2015	M		8408					Posible padre Y-51385
60	AP-349	S2004		H							
61	AP-350	5S004	19/02/2015	H		S2004			Y-51385		
62		VJ.0993		H							
63	AP-351	5S006	13/02/2015	H		VJ.0993					
64	AP-352	118-08		H							
65	AP-353	5S003	24/01/2015	M		118-08			10C-83		
66	AP-355	5S005	03/02/2015	M		110-08			Y-51385		
67	AP-356	S2-012		H							
68	AP-357	5S007	22/01/2015	M		S2-012			Y-51385		
69	AP-358	S2-218		H							
70	AP-359	5S008	03/02/2015	H		S2-218					Posible padre 10C-83 o 294
71	AP-360	VJ.0908		H							
72	AP-361	5S009	04/02/2015	M		VJ. 0908			10C-83		
73	AP-362	38-08		H							
74	AP-363	5S011	26/01/2015	M		38-08					
75	AP-364	1128		H							
76	AP-365	5S013	14/02/2015	M		1128			078		
77	AP-366	VJ.0604		H							
78	AP-367	5S015	12/03/2015	M		VJ.0604					Posible padre 799
79	AP-368	Y-51385		M							
80	AP-369	099A/078		M							

81	AP-370	10C-83		M								
82	AP-371	0799		M								
83	AP-372	2S025		M								
84	AP-373	3S005		M								
85	AP-374	3S003		M								
86	AP-375	I-10670		M								

Anexo 2. Ficha de campo de la unidad de producción 2

N°	Código de Laboratorio	INDIVIDUO				MADRE			PADRE			OBSERVACIONES
		ARETE	F. NAC.	SEXO	N° FOTO	ARETE	EDAD	N° FOTO	ARETE	EDAD	N° FOTO	
1	AP-376	C2008		H								
2	AP-377	5C002	13/01/2015	H		C2008			29-08			
3	AP-378	81427		H								
4	AP-379	5C001	26/01/2015	M		81427						
5	AP-380	C2026		H								
6	AP-381	5C003	11/01/2015	M		C2026			29-08			
7	AP-382	2C014		H								
8	AP-383	5C004		H		2C014						
9	AP-384	4608		H								
10	AP-385	5C005	14/01/2015	M		4608			29-08			
11	AP-386	9808		H								
12	AP-387	5C007	17/02/2015	M		9808						
13	AP-388	1808		H								
14	AP-389	5C006	15/02/2015	H		1808						
15	AP-390	2C004		H								
16	AP-391	5C008	24/02/2015	H		2C004						
17	AP-392	C2020		H								
18	AP-393	5C010	26/01/2015	H		C2020						
19	AP-394	C2002		H								
20	AP-395	5C012	14/02/2015	H		C2002						
21	AP-396	2C032		H								
22	AP-397	5C009	23/02/2015	M		2C032						
23	AP-398	1-24		H								
24	AP-399	5C011	15/01/2015	M		1-24						
25	AP-400	406		H								

26	AP-401	5C013	18/02/2015	M		406						
27	AP-402	1-22		H								
28	AP-403	5C015	24/02/2015	M		1-22						
29	AP-404	C2028		H								
30	AP-405	5C014	25/02/2015	H		C2028						
31	AP-406	C1002		H								
32	AP-407	5C016	17/01/2015	H		C1002						
33	AP-408	111		H								
34	AP-409	5C018	21/02/2015	H		111						
35	AP-410	2C018		H								
36	AP-411	5C020	06/02/2015	H		2C018						
37	AP-412	209		H								
38	AP-413	5C017		M		209						
39	AP-414	302		H								
40	AP-415	5C019		M		302						
41	AP-416	8101		M								
42	AP-417	I-10338		M								
43	AP-418	2508		M								
44	AP-419	A.T.A 15		M								
45	AP-420	1-05		M								
46	AP-421	C2005		M								
47	AP-422	2708		M								
48	AP-423	C0-001		M								
49	AP-424	Y-51366		M								
50	AP-425	29-08		M								

Anexo 3. Ficha de campo de la unidad de producción 3

N°	Código de Laboratorio	INDIVIDUO				MADRE			PADRE			OBSERVACIONES
		ARETE	F. NAC.	SEXO	N° FOTO	ARETE	EDAD	N° FOTO	ARETE	EDAD	N° FOTO	
1	AP-426	76-08		H								
2	AP-427	5R021	29/01/2015	M		76-08						
3	AP-428	9-0192		H								
4	AP-429	5R033	11/02/2015	M		9-0192						
5	AP-431	5R051	22/02/2015	M		3R-018						
6	AP-433	5R052	24/02/2015	H		9-0157						
7	AP-434	3R-052		H								
8	AP-435	5R031	11/02/2015	M		3R-052						
9	AP-437	5R038	30/01/2015	H		3R-076						
10	AP-438	R1012		H								
11	AP-439	5R002	17/12/2014	H		R1012			I-10294			
12	AP-440	3R056		H								
13	AP-441	5R044	17/02/2015	H		3R056						
14	AP-443	5R035	16/02/2015	M		11-1041						
15	AP-445	5R006	09/01/2015	H		R2-004						
16	AP-446	13-3392		H								
17	AP-447	5R001	20/01/2015	M		13-3392						
18	AP-448	2R002		H								
19	AP-449	5R018	07/01/2015	H		2R002			I-10294			
20	AP-451	5R008	29/12/2014	H		2R004			I-10294			
21	AP-452	R2008		H								
22	AP-453	5R022	20/01/2015	H		R2008						
23	AP-454	R2010		H								
24	AP-455	5R019	14/01/2015	M		R2010						
25	AP-456	5		H								

26	AP-457	5R003	10/01/2015	M		5			I-10294			
27	AP-458	9-0167		H								
28	AP-459	5R015	19/12/2014	M		9-0167			I-10294			
29	AP-460	3R060		H								
30	AP-461	5R036	23/01/2015	H		3R060						
31	AP-462	2R012		H								
32	AP-463	5R004	03/01/2015	H		2R012						
33	AP-464	R1020		H								
34	AP-465	5R005	07/01/2015	M		R1020			I-10294			
35	AP-467	5R010	10/01/2015	H		Y-51467						
36	AP-469	5R012	10/01/2015	H		84						
37	AP-470	R0-04		H								
38	AP-471	5R014	08/01/2015	H		R0-04						
39	AP-472	9-0142		H								
40	AP-473	5R009	27/12/2014	M		9-0142						
41	AP-475	5R026	05/01/2015	H		9-0164						
42	AP-476	9-0175		H								
43	AP-477	5R017	15/01/2015	M		9-0175						
44	AP-478	R1016		H								
45	AP-479	5R028	16/01/2015	H		R1016						
46	AP-480	10-0059		H								
47	AP-481	5R011	09/01/2015	M		10-0059						
48	AP-482	9-0148		H								
49	AP-483	5R034	22/01/2015	H		9-0148						
50	AP-484	R1014		H								
51	AP-485	5R024	16/01/2015	H		R1014						
52	AP-486	R2-012		H								
53	AP-488	R1006		H								
54	AP-489	5R032	18/01/2015	H		R1006						

55	AP-211	11-1100		H								
56	AP-490	5R020	18/01/2015	H		11-1100						
57	AP-491	R1018		H								
58	AP-492	5R007	08/01/2015	M		R1018						
59	AP-493	2R020		H								
60	AP-494	5R016	09/01/2015	H		2R020						
61	AP-495	3R054		H								
62	AP-496	5R049	21/02/2015	M		3R054						
63	AP-497	9-0198		H								
64	AP-498	5R046	20/02/2015	H		9-0198						
65	AP-499	10-1066		H								
66	AP-500	5R045	17/02/2015	M		10-1066						
67	AP-501	R2006		H								
68	AP-502	5R041	16/02/2015	M		R2006						
69	AP-503	3R070		H								
70	AP-504	5R054	25/02/2015	H		3R070						
71	AP-505	11-1098		H								
72	AP-506	5R027	07/02/2015	M		11-1098						
73	AP-507	3R080		H								
74	AP-508	5R048	22/02/2015	H		3R080						
75	AP-509	198		H								
76	AP-510	5R043	15/02/2015	M		198						
77	AP-511	2R008		H								
78	AP-512	5R039	15/02/2015	M		2R008						
79	AP-513	R0002		H								
80	AP-514	5R037	14/02/2015	M		R0002						
81	AP-515	R1024		H								
82	AP-516	5R042	13/02/2015	H		R1024						
83	AP-517	3R014		H								

84	AP-518	5R053	01/03/2015	M		3R014						
85	AP-519	3R012		H								
86	AP-520	5R064		H		3R012						
87	AP-521	11-1059		H								
88	AP-522	5R050	23/02/2015	H		11-1059						
89	AP-523	3R008		H								
90	AP-524	5R058	03/03/2015	H		3R008						
91	AP-525	9-0145		H								
92	AP-526	5R025	05/02/2015	M		9-0145						
93	AP-527	R9002		H								
94	AP-528	5R040	05/02/2015	H		R9002						
95	AP-529	11-1006		H								
96	AP-530	5R056	24/02/2015	H		11-1006						
97	AP-531	3R072		H								
98	AP-532	5R057	17/03/2015	M		3R072						
99	AP-533	3R016		H								
100	AP-534	5R059	18/03/2015	M		3R016						
101	AP-535	9-0161		H								
102	AP-536	5R062	10/03/2015	H		9-0161						
103	AP-537	3R082		H								
104	AP-538	5R061	17/03/2015	M		3R082						
105	AP-539	P1205		M								
106	AP-540	069		M								
107	AP-541	I-10339		M								
108	AP-542	101HL		M								
109	AP-543	S11-06(A)		M								
110	AP-544	I-10294		M								
111	AP-545	R1-037		M								
112	AP-546	R1-007		M								

113	AP-547	I-10665		M								
114	AP-548	0613		M								

Anexo 4. Cuantificación de ADN stock

Name	260	280	260/280	ng/ μ L	DNA	Buffer	[] Final	Vol. Final	Queda DNA Stock
AP-292	0.161	0.081	1.994	160.93	12.43	87.57	20	100	87.57
AP-293	0.246	0.122	2.024	246.44	8.12	91.88	20	100	91.88
AP-294	0.385	0.198	1.949	385.34	5.19	94.81	20	100	94.81
AP-295	0.242	0.123	1.966	241.775	8.27	91.73	20	100	91.73
AP-296	0.124	0.064	1.939	124.16	16.11	83.89	20	100	83.89
AP-297	0.19	0.097	1.97	190.415	10.50	89.50	20	100	89.50
AP-298	0.228	0.115	1.975	227.97	8.77	91.23	20	100	91.23
AP-299	0.077	0.039	1.978	77.313	25.87	74.13	20	100	74.13
AP-300	0.316	0.157	2.009	315.61	6.34	93.66	20	100	93.66
AP-301	0.253	0.128	1.969	252.924	7.91	92.09	20	100	92.09
AP-302	0.289	0.146	1.977	288.972	6.92	93.08	20	100	93.08
AP-303	0.227	0.117	1.95	227.287	8.80	91.20	20	100	91.20
AP-304	0.208	0.11	1.885	207.61	9.63	90.37	20	100	90.37
AP-305	0.2	0.102	1.954	199.695	10.02	89.98	20	100	89.98
AP-306	0.204	0.105	1.935	203.509	9.83	90.17	20	100	90.17
AP-307	0.396	0.198	1.998	396.059	5.05	94.95	20	100	94.95
AP-308	0.057	0.03	1.926	56.844	24.63	45.37	20	70	75.37
AP-309	0.289	0.148	1.943	288.537	6.93	93.07	20	100	93.07
AP-049	0.129	0.065	1.982	129.228	15.48	84.52	20	100	84.52
AP-310	0.408	0.202	2.017	407.824	4.90	95.10	20	100	95.10
AP-311	0.209	0.112	1.874	209.071	9.57	90.43	20	100	90.43
AP-312	0.463	0.23	2.016	463.376	4.32	95.68	20	100	95.68
AP-313	0.202	0.105	1.929	202.284	9.89	90.11	20	100	90.11
AP-314	0.332	0.166	1.992	331.713	6.03	93.97	20	100	93.97
AP-315	0.369	0.181	2.038	369.033	5.42	94.58	20	100	94.58
AP-316	0.522	0.258	2.024	522.107	3.83	96.17	20	100	96.17
AP-317	0.178	0.091	1.951	178.382	11.21	88.79	20	100	88.79
AP-318	0.332	0.164	2.022	331.933	6.03	93.97	20	100	93.97
AP-319	0.129	0.067	1.939	129.162	15.48	84.52	20	100	84.52
AP-320	0.653	0.323	2.023	652.647	3.06	96.94	20	100	96.94
AP-321	0.169	0.085	1.975	168.73	11.85	88.15	20	100	88.15
AP-322	0.659	0.335	1.968	659.39	3.03	96.97	20	100	96.97
AP-323	0.211	0.105	2.002	210.674	9.49	90.51	20	100	90.51
AP-324	0.815	0.401	2.031	815.363	2.45	97.55	20	100	97.55
AP-325	0.323	0.159	2.03	323.095	6.19	93.81	20	100	93.81
AP-326	0.49	0.242	2.029	490.387	4.08	95.92	20	100	95.92
AP-327	0.135	0.069	1.959	135.054	14.81	85.19	20	100	85.19
AP-328	0.365	0.184	1.986	365.266	5.48	94.52	20	100	94.52
AP-329	0.206	0.104	1.979	205.939	9.71	90.29	20	100	90.29
AP-330	0.398	0.199	1.994	397.513	5.03	94.97	20	100	94.97
AP-331	0.424	0.211	2.008	424.182	4.71	95.29	20	100	95.29
AP-332	0.21	0.107	1.959	209.633	9.54	90.46	20	100	90.46
AP-333	0.355	0.178	1.999	354.979	5.63	94.37	20	100	94.37
AP-334	0.211	0.107	1.977	211.419	9.46	90.54	20	100	90.54

AP-335	0.262	0.132	1.981	262.257	7.63	92.37	20	100	92.37
AP-336	0.528	0.262	2.015	528.408	3.78	96.22	20	100	96.22
AP-337	0.11	0.056	1.97	110.423	18.11	81.89	20	100	81.89
AP-338	0.471	0.235	2.008	471.054	4.25	95.75	20	100	95.75
AP-339	0.423	0.214	1.977	423.034	4.73	95.27	20	100	95.27
AP-340	0.413	0.203	2.031	412.763	4.85	95.15	20	100	95.15
AP-341	0.23	0.115	1.999	229.88	8.70	91.30	20	100	91.30
AP-342	0.196	0.099	1.982	195.815	10.21	89.79	20	100	89.79
AP-343	0.231	0.122	1.899	231.267	8.65	91.35	20	100	91.35
AP-344	0.647	0.329	1.967	647.165	3.09	96.91	20	100	96.91
AP-345	0.159	0.083	1.927	159.442	12.54	87.46	20	100	87.46
AP-346	0.316	0.161	1.966	315.647	6.34	93.66	20	100	93.66
AP-348	0.518	0.256	2.027	517.901	3.86	96.14	20	100	96.14
AP-349	0.27	0.145	1.858	270.098	7.40	92.60	20	100	92.60
AP-350	0.463	0.229	2.018	462.508	4.32	95.68	20	100	95.68
AP-351	0.404	0.199	2.024	403.728	4.95	95.05	20	100	95.05
AP-352	0.524	0.261	2.01	523.682	3.82	96.18	20	100	96.18
AP-353	0.357	0.18	1.98	357.252	5.60	94.40	20	100	94.40
AP-355	0.408	0.202	2.017	408.427	4.90	95.10	20	100	95.10
AP-356	0.11	0.056	1.964	110.039	18.18	81.82	20	100	81.82
AP-357	0.352	0.175	2.007	351.925	5.68	94.32	20	100	94.32
AP-358	0.086	0.044	1.971	86.109	23.23	76.77	20	100	76.77
AP-359	0.528	0.261	2.024	527.642	3.79	96.21	20	100	96.21
AP-360	0.237	0.118	2.014	236.645	8.45	91.55	20	100	91.55
AP-361	0.286	0.144	1.982	285.939	6.99	93.01	20	100	93.01
AP-362	0.246	0.128	1.924	246.163	8.12	91.88	20	100	91.88
AP-363	0.586	0.294	1.991	585.568	3.42	96.58	20	100	96.58
AP-364	0.244	0.132	1.858	244.409	8.18	91.82	20	100	91.82
AP-365	0.302	0.157	1.925	302.234	6.62	93.38	20	100	93.38
AP-366	0.15	0.077	1.955	150.228	13.31	86.69	20	100	86.69
AP-367	0.19	0.096	1.968	189.734	10.54	89.46	20	100	89.46
AP-368	0.232	0.123	1.888	231.622	8.63	91.37	20	100	91.37
AP-369	0.243	0.124	1.954	243.198	8.22	91.78	20	100	91.78
AP-370	0.198	0.104	1.893	197.631	10.12	89.88	20	100	89.88
AP-371	0.167	0.09	1.859	166.752	11.99	88.01	20	100	88.01
AP-372	0.333	0.172	1.938	333.213	6.00	94.00	20	100	94.00
AP-373	0.243	0.13	1.871	242.512	8.25	91.75	20	100	91.75
AP-374	0.225	0.116	1.941	225.118	8.88	91.12	20	100	91.12
AP-375	0.223	0.113	1.979	223.02	8.97	91.03	20	100	91.03
AP-376	0.092	0.047	1.957	91.689	21.81	78.19	20	100	78.19
AP-377	0.049	0.025	1.973	48.883	24.55	35.45	20	60	75.45
AP-378	0.193	0.098	1.966	193.359	10.34	89.66	20	100	89.66
AP-379	0.089	0.046	1.937	88.513	22.60	77.40	20	100	77.40
AP-380	0.093	0.047	1.969	93.301	21.44	78.56	20	100	78.56
AP-381	0.187	0.095	1.972	186.544	10.72	89.28	20	100	89.28
AP-382	0.141	0.071	1.998	140.894	14.20	85.80	20	100	85.80
AP-383	0.096	0.049	1.961	95.557	20.93	79.07	20	100	79.07
AP-384	0.27	0.137	1.977	270.269	7.40	92.60	20	100	92.60

AP-385	0.266	0.135	1.975	266.111	7.52	92.48	20	100	92.48
AP-386	0.17	0.087	1.946	170.119	11.76	88.24	20	100	88.24
AP-387	0.262	0.132	1.979	261.951	7.64	92.36	20	100	92.36
AP-388	0.182	0.092	1.989	182.47	10.96	89.04	20	100	89.04
AP-389	0.255	0.128	1.983	254.737	7.85	92.15	20	100	92.15
AP-390	0.103	0.053	1.948	102.56	19.50	80.50	20	100	80.50
AP-391	0.165	0.083	1.996	165.394	12.09	87.91	20	100	87.91
AP-392	0.064	0.033	1.936	64.054	18.73	41.27	20	60	81.27
AP-393	0.42	0.212	1.98	419.645	4.77	95.23	20	100	95.23
AP-394	0.075	0.038	1.953	74.55	26.83	73.17	20	100	73.17
AP-395	0.332	0.169	1.964	332.267	6.02	93.98	20	100	93.98
AP-396	0.162	0.082	1.984	161.828	12.36	87.64	20	100	87.64
AP-397	0.351	0.179	1.964	350.796	5.70	94.30	20	100	94.30
AP-398	0.05	0.026	1.95	50.353	23.83	36.17	20	60	76.17
AP-399	0.352	0.177	1.99	352.451	5.67	94.33	20	100	94.33
AP-400	0.314	0.156	2.004	313.537	6.38	93.62	20	100	93.62
AP-401	0.269	0.133	2.022	268.668	7.44	92.56	20	100	92.56
AP-402	0.213	0.11	1.949	213.459	9.37	90.63	20	100	90.63
AP-403	0.439	0.219	2.003	438.866	4.56	95.44	20	100	95.44
AP-404	0.234	0.117	2	234.472	8.53	91.47	20	100	91.47
AP-405	0.169	0.085	1.99	169.061	11.83	88.17	20	100	88.17
AP-406	0.322	0.16	2.004	321.664	6.22	93.78	20	100	93.78
AP-407	0.449	0.224	2	448.738	4.46	95.54	20	100	95.54
AP-408	0.193	0.096	2.008	193.086	10.36	89.64	20	100	89.64
AP-409	0.383	0.191	2.003	382.69	5.23	94.77	20	100	94.77
AP-410	0.079	0.04	1.963	79.155	15.16	44.84	20	60	84.84
AP-411	0.39	0.198	1.972	390.463	5.12	94.88	20	100	94.88
AP-412	0.172	0.086	2.004	171.676	11.65	88.35	20	100	88.35
AP-413	0.594	0.298	1.994	594.215	3.37	96.63	20	100	96.63
AP-414	0.198	0.099	2.009	198.351	10.08	89.92	20	100	89.92
AP-415	0.363	0.186	1.951	362.972	5.51	94.49	20	100	94.49
AP-416	0.168	0.084	1.992	167.559	11.94	88.06	20	100	88.06
AP-417	0.255	0.127	2.013	255.268	7.83	92.17	20	100	92.17
AP-418	0.425	0.217	1.954	424.634	4.71	95.29	20	100	95.29
AP-419	0.295	0.146	2.022	295.352	6.77	93.23	20	100	93.23
AP-420	0.138	0.069	2.004	138.104	14.48	85.52	20	100	85.52
AP-421	0.213	0.106	2	212.969	9.39	90.61	20	100	90.61
AP-422	0.318	0.159	2.001	318.476	6.28	93.72	20	100	93.72
AP-423	0.064	0.032	1.992	63.887	18.78	41.22	20	60	81.22
AP-424	0.161	0.082	1.97	160.725	12.44	87.56	20	100	87.56
AP-425	0.121	0.061	1.991	121.472	16.46	83.54	20	100	83.54
AP-426	0.197	0.102	1.927	196.838	10.16	89.84	20	100	89.84
AP-427	0.12	0.061	1.986	120.201	16.64	83.36	20	100	83.36
AP-428	0.164	0.083	1.981	164.393	12.17	87.83	20	100	87.83
AP-429	0.092	0.047	1.947	91.563	21.84	78.16	20	100	78.16
AP-431	0.155	0.08	1.926	155.005	12.90	87.10	20	100	87.10
AP-433	0.07	0.036	1.962	70.428	17.04	42.96	20	60	82.96
AP-434	0.149	0.077	1.94	148.555	13.46	86.54	20	100	86.54

AP-435	0.068	0.035	1.949	68.284	17.57	42.43	20	60	82.43
AP-437	0.219	0.111	1.973	218.674	9.15	90.85	20	100	90.85
AP-438	0.221	0.114	1.937	221.108	9.05	90.95	20	100	90.95
AP-439	0.114	0.058	1.962	113.877	17.56	82.44	20	100	82.44
AP-440A	0.111	0.055	2.024	110.636	18.08	81.92	20	100	81.92
AP-441	0.251	0.129	1.951	250.711	7.98	92.02	20	100	92.02
AP-443	0.156	0.078	1.988	155.647	12.85	87.15	20	100	87.15
AP-445	0.37	0.186	1.992	369.873	5.41	94.59	20	100	94.59
AP-446	0.138	0.07	1.965	138.405	14.45	85.55	20	100	85.55
AP-447	0.044	0.023	1.917	43.667	22.90	27.10	20	50	77.10
AP-448	0.532	0.264	2.016	531.874	3.76	96.24	20	100	96.24
AP-449	0.131	0.066	1.999	131.291	15.23	84.77	20	100	84.77
AP-451	0.914	0.451	2.027	913.892	2.19	97.81	20	100	97.81
AP-452	0.2	0.1	2.003	200.268	9.99	90.01	20	100	90.01
AP-453	0.402	0.198	2.036	402.404	4.97	95.03	20	100	95.03
AP-454	0.111	0.053	2.083	111.145	17.99	82.01	20	100	82.01
AP-455	0.269	0.134	2.002	268.683	7.44	92.56	20	100	92.56
AP-456	0.19	0.094	2.032	190.364	10.51	89.49	20	100	89.49
AP-457	0.097	0.047	2.063	96.548	20.72	79.28	20	100	79.28
AP-458	0.363	0.181	2.011	363.181	5.51	94.49	20	100	94.49
AP-459	0.342	0.168	2.031	341.662	5.85	94.15	20	100	94.15
AP-460	0.225	0.113	1.994	224.764	8.90	91.10	20	100	91.10
AP-461	0.394	0.195	2.02	393.899	5.08	94.92	20	100	94.92
AP-462	0.341	0.17	2.007	341.112	5.86	94.14	20	100	94.14
AP-463	0.689	0.336	2.053	689.479	2.90	97.10	20	100	97.10
AP-464	0.288	0.141	2.037	287.545	6.96	93.04	20	100	93.04
AP-465	0.639	0.31	2.059	639.116	3.13	96.87	20	100	96.87
AP-467	0.088	0.045	1.964	88.049	22.71	77.29	20	100	77.29
AP-469	0.075	0.036	2.073	75.387	21.22	58.78	20	80	78.78
AP-470	0.088	0.043	2.038	88.012	22.72	77.28	20	100	77.28
AP-471	0.365	0.179	2.035	365.201	5.48	94.52	20	100	94.52
AP-472	0.261	0.128	2.046	261.044	7.66	92.34	20	100	92.34
AP-473	0.456	0.223	2.04	455.533	4.39	95.61	20	100	95.61
AP-475	0.183	0.088	2.074	183.018	10.93	89.07	20	100	89.07
AP-476	0.243	0.119	2.038	243.332	8.22	91.78	20	100	91.78
AP-477	0.334	0.163	2.046	334.218	5.98	94.02	20	100	94.02
AP-478	0.22	0.107	2.055	219.56	9.11	90.89	20	100	90.89
AP-479	0.1	0.048	2.109	100.409	19.92	80.08	20	100	80.08
AP-480	0.079	0.039	2.016	79.395	20.15	59.85	20	80	79.85
AP-481	0.472	0.231	2.042	472.381	4.23	95.77	20	100	95.77
AP-482	0.078	0.037	2.124	78.288	25.55	74.45	20	100	74.45
AP-483	0.517	0.257	2.012	517.365	3.87	96.13	20	100	96.13
AP-484	0.245	0.122	2.012	245.151	8.16	91.84	20	100	91.84
AP-485	0.477	0.234	2.036	477.078	4.19	95.81	20	100	95.81
AP-486	0.244	0.118	2.063	243.677	8.21	91.79	20	100	91.79
AP-488	0.221	0.11	2.015	221.081	9.05	90.95	20	100	90.95
AP-489	0.283	0.138	2.052	282.741	7.07	92.93	20	100	92.93
AP-211	0.417	0.208	2.009	417.11	4.79	95.21	20	100	95.21

AP-490	0.444	0.218	2.035	443.937	4.51	95.49	20	100	95.49
AP-491	0.186	0.091	2.042	186.192	10.74	89.26	20	100	89.26
AP-492	0.119	0.059	2.017	119.159	16.78	83.22	20	100	83.22
AP-493	0.094	0.046	2.05	94.379	16.95	63.05	20	80	83.05
AP-494	0.205	0.1	2.048	204.597	9.78	90.22	20	100	90.22
AP-495	0.499	0.247	2.023	498.95	4.01	95.99	20	100	95.99
AP-496	1.085	0.571	1.899	1085.311	1.84	98.16	20	100	98.16
AP-497	0.097	0.048	2.036	96.877	16.52	63.48	20	80	83.48
AP-498	0.14	0.073	1.932	140.347	14.25	85.75	20	100	85.75
AP-499	0.288	0.141	2.048	288.176	6.94	93.06	20	100	93.06
AP-500	0.092	0.045	2.071	92.4	17.32	62.68	20	80	82.68
AP-501	0.147	0.071	2.068	146.926	13.61	86.39	20	100	86.39
AP-502	0.092	0.044	2.088	92.242	17.35	62.65	20	80	82.65
AP-503	0.049	0.023	2.14	48.593	41.16	58.84	20	100	58.84
AP-504	0.212	0.104	2.03	211.675	9.45	90.55	20	100	90.55
AP-505	0.345	0.169	2.047	345.375	5.79	94.21	20	100	94.21
AP-506	0.086	0.041	2.084	86.126	18.58	61.42	20	80	81.42
AP-507	0.347	0.17	2.034	346.738	5.77	94.23	20	100	94.23
AP-508	0.232	0.113	2.057	232.095	8.62	91.38	20	100	91.38
AP-509	0.188	0.092	2.044	188.032	10.64	89.36	20	100	89.36
AP-510	0.229	0.11	2.071	228.703	8.74	91.26	20	100	91.26
AP-511	0.067	0.032	2.055	66.688	17.99	42.01	20	60	82.01
AP-512	0.066	0.032	2.07	66.489	18.05	41.95	20	60	81.95
AP-513	0.326	0.16	2.03	325.685	6.14	93.86	20	100	93.86
AP-514	0.44	0.232	1.897	440.041	4.55	95.45	20	100	95.45
AP-515A	0.075	0.036	2.059	74.851	26.72	73.28	20	100	73.28
AP-516	0.383	0.191	2.006	383.354	5.22	94.78	20	100	94.78
AP-517	0.424	0.207	2.053	424.224	4.71	95.29	20	100	95.29
AP-518	0.914	0.452	2.023	914.07	2.19	97.81	20	100	97.81
AP-519	0.289	0.142	2.03	288.679	6.93	93.07	20	100	93.07
AP-520	0.595	0.29	2.049	595.025	3.36	96.64	20	100	96.64
AP-521	0.296	0.146	2.031	296.357	6.75	93.25	20	100	93.25
AP-522	0.088	0.042	2.087	87.751	18.23	61.77	20	80	81.77
AP-523	0.221	0.108	2.051	221.174	9.04	90.96	20	100	90.96
AP-524	0.214	0.104	2.061	213.834	9.35	90.65	20	100	90.65
AP-525	0.155	0.075	2.059	155.051	12.90	87.10	20	100	87.10
AP-526	0.197	0.096	2.051	196.731	10.17	89.83	20	100	89.83
AP-527	0.503	0.253	1.993	503.361	3.97	96.03	20	100	96.03
AP-528	0.488	0.241	2.025	488.134	4.10	95.90	20	100	95.90
AP-529	0.355	0.177	2.003	355.322	5.63	94.37	20	100	94.37
AP-530	0.208	0.104	1.994	207.763	9.63	90.37	20	100	90.37
AP-531	0.161	0.082	1.963	161.083	12.42	87.58	20	100	87.58
AP-532	0.17	0.085	1.994	169.624	11.79	88.21	20	100	88.21
AP-533	0.19	0.095	1.993	190.098	10.52	89.48	20	100	89.48
AP-534	0.312	0.157	1.982	312.05	6.41	93.59	20	100	93.59
AP-535	0.137	0.067	2.039	136.734	14.63	85.37	20	100	85.37
AP-536	0.274	0.137	1.999	274.194	7.29	92.71	20	100	92.71
AP-537	0.255	0.129	1.973	255.025	7.84	92.16	20	100	92.16

AP-538	0.345	0.173	1.988	344.761	5.8	94.2	20	100	94.2
AP-539	0.261	0.13	2.006	260.512	7.68	92.32	20	100	92.32
AP-540	0.256	0.128	1.994	255.847	7.82	92.18	20	100	92.18
AP-541	0.319	0.161	1.989	319.221	6.27	93.73	20	100	93.73
AP-542	0.248	0.122	2.032	248.392	8.05	91.95	20	100	91.95
AP-543	0.175	0.085	2.047	174.668	11.45	88.55	20	100	88.55
AP-544	0.215	0.106	2.028	215.186	9.29	90.71	20	100	90.71
AP-545	0.179	0.088	2.036	178.805	11.19	88.81	20	100	88.81
AP-546	0.475	0.237	2.004	474.931	4.21	95.79	20	100	95.79
AP-547	0.18	0.09	2.001	179.98	11.11	88.89	20	100	88.89
AP-548	0.17	0.083	2.047	170.347	11.74	88.26	20	100	88.26

Anexo 5. Cuantificación de ADN dilución

Name	260	280	260/280	ng/ μ L
AP-292	0.02	0.011	1.767	19.765
AP-293	0.025	0.011	2.282	24.608
AP-294	0.024	0.012	2.083	24.297
AP-295	0.022	0.01	2.166	22.157
AP-296	0.02	0.01	2.005	20.312
AP-297	0.023	0.01	2.251	23.474
AP-298	0.024	0.011	2.111	24.112
AP-299	0.022	0.01	2.176	22.155
AP-300	0.022	0.01	2.184	22.293
AP-301	0.022	0.01	2.178	22.005
AP-302	0.023	0.011	2.127	23.108
AP-303	0.023	0.011	2.121	22.765
AP-304	0.021	0.011	1.928	20.582
AP-305	0.022	0.01	2.192	22.212
AP-306	0.026	0.012	2.13	26.033
AP-307	0.023	0.01	2.218	23.21
AP-308	0.02	0.011	1.72	19.765
AP-309	0.023	0.01	2.241	22.544
AP-049	0.024	0.011	2.153	23.584
AP-310	0.024	0.011	2.196	23.597
AP-311	0.021	0.01	2.086	20.922
AP-312	0.025	0.01	2.399	25.015
AP-313	0.023	0.01	2.192	22.589
AP-314	0.022	0.01	2.233	22.053
AP-315	0.021	0.009	2.235	20.77
AP-316	0.023	0.01	2.264	23.338
AP-317	0.024	0.01	2.34	23.516
AP-318	0.021	0.009	2.243	20.587
AP-319	0.021	0.01	2.13	20.991
AP-320	0.022	0.01	2.282	21.687
AP-321	0.022	0.011	2.121	22.453
AP-322	0.024	0.011	2.108	23.847
AP-323	0.018	0.01	1.788	17.62
AP-324	0.021	0.009	2.333	21.306
AP-325	0.021	0.009	2.254	21.241
AP-326	0.021	0.009	2.279	21.437
AP-327	0.022	0.01	2.19	21.737
AP-328	0.022	0.01	2.28	22.139
AP-329	0.022	0.01	2.163	22.284
AP-330	0.02	0.009	2.171	20.108
AP-331	0.022	0.01	2.28	21.887
AP-332	0.021	0.009	2.2	20.876
AP-333	0.022	0.01	2.164	22.189
AP-334	0.022	0.01	2.196	21.52
AP-335	0.022	0.011	2.121	22.421

AP-336	0.018	0.008	2.268	18.221
AP-337	0.021	0.01	2.095	21.328
AP-338	0.023	0.011	2.194	23.423
AP-339	0.017	0.01	1.741	16.803
AP-340	0.019	0.008	2.342	19.449
AP-341	0.023	0.011	2.166	23.278
AP-342	0.022	0.01	2.217	21.54
AP-343	0.02	0.009	2.127	19.599
AP-344	0.02	0.009	2.278	19.776
AP-345	0.023	0.011	2.086	23.401
AP-346	0.021	0.01	2.131	20.825
AP-348	0.021	0.009	2.288	20.773
AP-349	0.022	0.011	2.061	22.393
AP-350	0.02	0.009	2.207	20.483
AP-351	0.021	0.01	2.118	21.093
AP-352	0.02	0.009	2.249	20.426
AP-353	0.021	0.01	2.077	20.714
AP-355	0.016	0.009	1.685	15.577
AP-356	0.019	0.009	2.038	19.243
AP-357	0.021	0.009	2.202	20.528
AP-358	0.022	0.01	2.157	21.849
AP-359	0.021	0.009	2.285	20.821
AP-360	0.022	0.01	2.27	22.036
AP-361	0.02	0.009	2.209	19.848
AP-362	0.017	0.009	1.851	17.141
AP-363	0.02	0.009	2.229	20.262
AP-364	0.022	0.011	2.062	22.107
AP-365	0.023	0.011	2.041	23.006
AP-366	0.022	0.01	2.137	21.832
AP-367	0.017	0.009	1.982	17.109
AP-368	0.022	0.01	2.086	21.582
AP-369	0.022	0.01	2.134	21.941
AP-370	0.021	0.01	2.111	21.192
AP-371	0.018	0.011	1.645	17.722
AP-372	0.019	0.009	2.006	18.727
AP-373	0.021	0.01	2.054	21.241
AP-374	0.021	0.01	2.141	21.026
AP-375	0.023	0.01	2.236	22.653
AP-376	0.022	0.01	2.164	22.344
AP-377	0.022	0.01	2.264	22.183
AP-378	0.019	0.009	2.062	18.676
AP-379	0.023	0.01	2.18	22.7
AP-380	0.022	0.01	2.208	22.312
AP-381	0.021	0.011	1.868	20.863
AP-382	0.022	0.01	2.164	22.363
AP-383	0.023	0.011	2.089	22.727
AP-384	0.02	0.009	2.214	20.111
AP-385	0.022	0.01	2.124	21.839

AP-386	0.022	0.01	2.189	21.511
AP-387	0.019	0.011	1.728	19.152
AP-388	0.022	0.01	2.223	22.132
AP-389	0.023	0.01	2.212	22.871
AP-390	0.021	0.009	2.251	20.718
AP-391	0.021	0.009	2.224	20.719
AP-392	0.023	0.01	2.246	22.961
AP-393	0.022	0.01	2.122	22.081
AP-394	0.022	0.01	2.156	21.95
AP-395	0.021	0.009	2.198	20.871
AP-396	0.023	0.01	2.228	22.517
AP-397	0.02	0.009	2.24	20.455
AP-398	0.021	0.009	2.249	21.106
AP-399	0.021	0.01	2.176	20.787
AP-400	0.021	0.009	2.306	20.951
AP-401	0.023	0.011	2.139	22.862
AP-402	0.023	0.011	2.114	22.573
AP-403	0.02	0.011	1.735	19.765
AP-404	0.022	0.01	2.286	21.822
AP-405	0.023	0.012	2.013	23.278
AP-406	0.023	0.011	2.121	22.568
AP-407	0.021	0.01	2.217	21.33
AP-408	0.022	0.01	2.231	22.344
AP-409	0.036	0.02	1.839	36.497
AP-410	0.02	0.01	2.047	20.211
AP-411	0.022	0.01	2.178	21.785
AP-412	0.022	0.01	2.223	22.005
AP-413	0.021	0.01	2.132	20.557
AP-414	0.02	0.009	2.196	20.38
AP-415	0.019	0.009	2.095	19.152
AP-416	0.021	0.009	2.295	20.846
AP-417	0.022	0.01	2.157	21.737
AP-418	0.021	0.009	2.211	20.554
AP-419	0.019	0.01	1.824	18.539
AP-420	0.022	0.009	2.367	21.616
AP-421	0.022	0.01	2.212	21.75
AP-422	0.022	0.01	2.164	22.363
AP-423	0.022	0.01	2.21	21.941
AP-424	0.022	0.01	2.244	22.242
AP-425	0.023	0.01	2.256	22.792
AP-426	0.021	0.01	2.117	21.336
AP-427	0.021	0.009	2.235	20.77
AP-428	0.023	0.011	2.18	22.928
AP-429	0.022	0.01	2.134	21.883
AP-431	0.022	0.011	2.062	22.217
AP-433	0.021	0.01	2.183	21.328
AP-434	0.022	0.01	2.149	22.254
AP-435	0.018	0.01	1.734	17.62

AP-437	0.022	0.01	2.216	22.463
AP-438	0.022	0.01	2.146	21.951
AP-439	0.023	0.01	2.254	23.06
AP-440A	0.023	0.01	2.194	22.653
AP-441	0.023	0.01	2.214	22.589
AP-443	0.022	0.01	2.225	21.582
AP-445	0.019	0.01	1.934	19.435
AP-446	0.022	0.01	2.225	22.039
AP-447	0.022	0.01	2.122	22.217
AP-448	0.023	0.01	2.221	22.737
AP-449	0.022	0.01	2.176	22.146
AP-451	0.019	0.01	1.824	18.539
AP-452	0.022	0.01	2.208	22.441
AP-453	0.021	0.009	2.265	21.343
AP-454	0.022	0.01	2.246	22.054
AP-455	0.021	0.009	2.2	20.719
AP-456	0.022	0.01	2.27	22.036
AP-457	0.023	0.01	2.2	22.893
AP-458	0.019	0.009	2.145	18.983
AP-459	0.021	0.009	2.213	20.567
AP-460	0.021	0.01	2.206	21.389
AP-461	0.02	0.009	2.218	20.251
AP-462	0.021	0.01	2.157	20.691
AP-463	0.018	0.008	2.195	17.824
AP-464	0.021	0.009	2.291	21.057
AP-465	0.02	0.009	2.182	20.203
AP-467	0.019	0.01	1.843	18.539
AP-469	0.021	0.01	2.204	21.445
AP-470	0.021	0.01	2.166	20.82
AP-471	0.018	0.008	2.205	18.072
AP-472	0.023	0.01	2.298	22.55
AP-473	0.022	0.01	2.168	21.675
AP-475	0.02	0.009	2.243	20.16
AP-476	0.021	0.009	2.246	21.081
AP-477	0.021	0.01	2.176	20.761
AP-478	0.021	0.009	2.204	20.691
AP-479	0.02	0.009	2.184	19.969
AP-480	0.022	0.01	2.162	21.687
AP-481	0.021	0.01	2.155	20.612
AP-482	0.023	0.011	2.194	23.423
AP-483	0.017	0.01	1.804	17.416
AP-484	0.021	0.009	2.263	20.894
AP-485	0.022	0.01	2.215	21.546
AP-486	0.021	0.009	2.224	20.923
AP-488	0.021	0.009	2.257	21.214
AP-489	0.023	0.011	2.15	22.589
AP-211	0.02	0.009	2.186	19.801
AP-490	0.022	0.01	2.172	22.395

AP-491	0.022	0.01	2.2	22.005
AP-492	0.022	0.01	2.126	21.577
AP-493	0.022	0.01	2.126	21.935
AP-494	0.02	0.009	2.137	19.969
AP-495	0.021	0.01	2.211	21.477
AP-496	0.019	0.009	2.135	18.668
AP-497	0.022	0.011	2.045	21.617
AP-498	0.017	0.01	1.731	17.416
AP-499	0.021	0.01	2.166	20.894
AP-500	0.022	0.01	2.21	21.954
AP-501	0.022	0.01	2.196	22.466
AP-502	0.022	0.01	2.241	22.246
AP-503	0.02	0.009	2.257	20.29
AP-504	0.023	0.01	2.171	22.589
AP-505	0.02	0.009	2.298	20.108
AP-506	0.021	0.009	2.219	21.075
AP-507	0.021	0.009	2.227	20.671
AP-508	0.022	0.012	1.837	22.393
AP-509	0.021	0.009	2.251	20.898
AP-510	0.022	0.01	2.146	21.808
AP-511	0.021	0.01	2.157	20.951
AP-512	0.021	0.01	2.187	20.919
AP-513	0.022	0.01	2.204	22.36
AP-514	0.018	0.011	1.727	18.437
AP-515A	0.023	0.011	2.132	22.544
AP-516	0.021	0.01	2.204	21.445
AP-517	0.021	0.009	2.303	20.718
AP-518	0.021	0.009	2.288	20.617
AP-519	0.021	0.01	2.254	21.42
AP-520	0.022	0.009	2.294	21.777
AP-521	0.021	0.01	2.138	21.336
AP-522	0.027	0.012	2.213	26.864
AP-523	0.024	0.011	2.225	23.851
AP-524	0.021	0.011	1.912	21.169
AP-525	0.021	0.009	2.266	20.794
AP-526	0.021	0.01	2.162	21.093
AP-527	0.022	0.01	2.137	22.107
AP-528	0.022	0.01	2.143	22.248
AP-529	0.022	0.01	2.192	22.467
AP-530	0.019	0.01	1.824	18.539
AP-531	0.021	0.01	2.134	20.584
AP-532	0.022	0.01	2.141	22.361
AP-533	0.023	0.011	2.116	23.391
AP-534	0.023	0.01	2.18	22.755
AP-535	0.017	0.009	1.902	16.9
AP-536	0.023	0.01	2.229	23.198
AP-537	0.021	0.01	2.187	20.927
AP-538	0.022	0.01	2.179	21.582

AP-539	0.023	0.01	2.184	22.517
AP-540	0.021	0.012	1.793	20.761
AP-541	0.022	0.01	2.183	21.624
AP-542	0.021	0.01	2.206	21.297
AP-543	0.022	0.01	2.204	22.107
AP-544	0.021	0.01	2.149	21.43
AP-545	0.022	0.01	2.183	22.148
AP-546	0.016	0.01	1.591	15.679
AP-547	0.024	0.01	2.274	23.576
AP-548	0.024	0.011	2.213	23.788

Anexo 6. Protocolos de estandarización de *primers*

Multiplex 1 (7 primers)

	[] Stock	[] Final	1Rx	
H2O			2.84	
Buffer	10	1	1.1	
dNTPs	2.5	0.4	1.76	PROGRAMA DE AMPLIFICACION
MgCl2	50	3	0.66	
Primer F: YWLL36, LCA66	20	0.1	0.055	95° x 5min } 1 ciclo
Primer R: YWLL36, LCA66	20	0.1	0.055	
Primer F: LCA5, LCA08, LCA94	20	0.2	0.11	95° x 30seg. } 28 ciclos
Primer R: LCA5, LCA08, LCA94	20	0.2	0.11	61° x 1:30min. }
Primer F: LCA37, LCA90	20	0.3	0.165	72° x 1min. }
Primer R: LCA37, LCA90	20	0.3	0.165	60° x 30min. } Extensión Final
Taq. Invitrogen	5	0.5	0.1	
DNA			3	4°Infinito
Vol. / mix				
Vol. Total			11	

Multiplex 2 (3 primers)

	[] Stock	[] Final	1Rx	
H2O			3.555	
Buffer	10	1	1.1	
dNTPs	2.5	0.4	1.76	PROGRAMA DE AMPLIFICACION
MgCl2	50	3	0.66	
Primer F: YWLL44	20	0.15	0.0825	95° x 5min } 1 ciclo
Primer R: YWLL44	20	0.15	0.0825	
Primer F: YWLL08	20	0.2	0.11	95° x 30seg. } 28 ciclos
Primer R: YWLL08	20	0.2	0.11	57° x 1:30min. }
Primer F: VOLP92	20	0.4	0.22	72° x 1min. }
Primer R: VOLP92	20	0.4	0.22	60° x 30min. } Extensión Final
Taq. Invitrogen	5	0.5	0.1	
DNA			3	4°Infinito
Vol. / mix				
Vol. Total			11	

Multiplex 3 (5 primers)

	[] Stock	[] Final	1Rx	
H2O			3.423	
Buffer	10	1	1.1	
dNTPs	2.5	0.4	1.76	
MgCl2	50	3	0.66	PROGRAMA DE AMPLIFICACION
Primer F: VOLP32, VOLP55	20	0.2	0.11	
Primer R: VOLP32, VOLP55	20	0.2	0.11	95° x 5min } 1 ciclo
Primer F: VOLP72	20	0.15	0.0825	
Primer R: VOLP72	20	0.15	0.0825	95° x 30seg. } 25 ciclos
Primer F: VOLP04	20	0.07	0.0385	56° x 1:30min. }
Primer R: VOLP04	20	0.07	0.0385	72° x 1min. }
Primer F: VOLP77	20	0.25	0.1375	
Primer R: VOLP77	20	0.25	0.1375	60° x 30min. } Extensión Final
Taq. Invitrogen	5	0.5	0.1	4° Infinito
DNA			3	
Vol. / mix				
Vol. Total			11	

Anexo 7. Relación de asignación de paternidad en la unidad de producción 1

ID Cría	ID Madre	loci mist	LOD score	ID Padre	loci mist	LOD score	trio loci mist	LOD score	Delta	Trio conf
AP-293	AP-292	3	4.93E+00	AP-370	4	-1.08E+01	6	-2.54E+00	2.83E+00	+
AP-295	AP-294	6	-1.86E+01	AP-370	6	-2.32E+01	9	-3.32E+01	-2.27E+01	+
AP-297	AP-296	3	-8.57E+00	AP-370	5	-1.72E+01	7	-2.37E+01	-1.72E+01	+
AP-299	AP-298	3	-8.30E-01	AP-368	3	-8.99E+00	5	-6.82E+00	8.46E-01	+
AP-301	AP-300	2	6.47E+00	AP-371	4	-1.10E+01	6	-7.56E+00	6.55E+00	+
AP-303	AP-302	4	-7.17E+00	AP-370	5	-1.74E+01	9	-2.69E+01	-1.79E+01	+
AP-305	AP-304	4	-1.02E+01	AP-368	2	-3.88E+00	5	-1.17E+01	-6.44E+00	+
AP-307	AP-306	3	-3.58E+00	AP-368	3	-8.41E+00	6	-1.36E+01	-5.18E+00	+
AP-309	AP-308	3	-1.00E+01	AP-369	4	-7.87E+00	5	-1.09E+01	-7.13E+00	
AP-310	AP-049	3	-1.48E+00	AP-368	3	-8.41E+00	4	-3.60E+00	2.81E+00	+
AP-312	AP-311	2	-3.41E+00	AP-368	2	-3.88E+00	4	-7.65E+00	-2.41E+00	
AP-314	AP-313	5	-1.45E+01	AP-370	4	-1.15E+01	8	-2.35E+01	-2.16E+01	+
AP-316	AP-315	6	-1.75E+01	AP-368	5	-1.96E+01	10	-3.45E+01	-1.36E+01	+
AP-318	AP-317	3	2.86E+00	AP-368	3	-9.16E+00	6	-6.45E+00	4.07E+00	+
AP-320	AP-319	2	1.50E+00	AP-368	3	-9.10E+00	5	-7.92E+00	-1.33E+00	
AP-322	AP-321	4	-6.48E+00	AP-370	4	-9.13E+00	7	-1.37E+01	-3.26E+00	+
AP-324	AP-323	2	1.09E+01	AP-368	3	-9.10E+00	5	2.44E+00	1.28E+01	+
AP-326	AP-325	1	1.10E+01	AP-371	4	-1.19E+01	4	1.11E+00	2.03E+00	+
AP-328	AP-327	6	-1.78E+01	AP-368	2	-3.25E+00	7	-1.78E+01	-1.32E+01	+
AP-330	AP-329	4	-5.17E+00	AP-369	3	-3.36E-01	6	-6.28E-01	1.07E+00	+
AP-331				AP-369	2	5.15E+00				
AP-333	AP-332	5	-5.19E+00	AP-370	6	-2.03E+01	8	-1.89E+01	-3.45E+00	
AP-335	AP-334	6	-1.58E+01	AP-368	4	-1.44E+01	9	-2.70E+01	-1.25E+01	+
AP-336				AP-368	3	-9.29E+00	3	-1.06E+01		+
AP-338	AP-337	4	-8.08E+00	AP-368	2	-3.82E+00	6	-1.17E+01	-6.53E+00	+
AP-340	AP-339	1	7.69E+00	AP-370	4	-1.10E+01	4	8.33E-01	2.05E+00	+
AP-342	AP-341	3	-3.08E-01	AP-368	2	-4.91E+00	4	-1.08E+00	5.19E+00	+
AP-344	AP-343	4	-8.77E+00	AP-368	2	-4.89E+00	6	-1.44E+01	-7.62E+00	+
AP-346	AP-345	0	4.18E+00	AP-368	2	-3.94E+00	2	3.94E-01	8.80E+00	+
AP-348				AP-368	5	-1.96E+01				
AP-350	AP-349	1	-2.61E+00	AP-368	4	-1.44E+01	5	-1.88E+01	-6.84E+00	
AP-351				AP-371	5	-1.85E+01				
AP-353	AP-352	2	-1.48E+00	AP-370	3	-5.36E+00	5	-7.42E+00	-2.24E+00	
AP-355				AP-368	1	3.12E-01				
AP-357	AP-356	4	-6.49E+00	AP-368	2	-3.82E+00	5	-6.00E+00	-8.25E-01	
AP-359	AP-358	2	1.42E+00	AP-370	8	-3.10E+01	8	-2.46E+01	-1.15E+01	+
AP-361	AP-360	1	3.68E+00	AP-368	4	-1.49E+01	5	-1.13E+01	1.81E+00	+
AP-363	AP-362	3	-1.01E+01	AP-368	3	-1.18E+01	5	-1.91E+01	-1.17E+01	+
AP-365	AP-364	4	-1.38E+01	AP-369	7	-2.31E+01	8	-2.77E+01	-1.15E+01	+
AP-367	AP-366	1	1.57E+01	AP-371	4	-1.28E+01	5	1.28E+00	7.82E+00	+

Anexo 8. Relación de asignación de paternidad en la unidad de producción 2

ID Cría	ID Madre	loci mist	LOD score	ID Padre	loci mist	LOD score	Trio loci mist	LOD score	Delta	Trio conf
AP-377	AP-376	3	-1.29E+00	AP-425	1	8.12E+00	3	1.18E+01	1.19E+01	*
AP-379	AP-378	0	1.41E+01	AP-425	3	-2.14E+00	3	1.42E+01	2.04E+01	*
AP-381	AP-380	4	-6.34E+00	AP-425	2	5.06E+00	5	2.38E+00	8.57E+00	+
AP-383	AP-382	1	1.02E+01	AP-425	2	7.12E+00	3	1.99E+01	1.95E+01	*
AP-385	AP-384	2	1.94E+00	AP-425	4	-9.75E+00	6	-1.00E+01	4.12E+00	+
AP-387	AP-386	0	1.15E+01	AP-419	4	-9.11E+00	4	2.19E+00	1.63E+01	+
AP-389	AP-388	2	7.99E+00	AP-423	4	-2.10E+00	5	1.06E+01	2.32E+01	*
AP-391	AP-390	0	1.70E+01	AP-425	2	3.63E+00	2	2.41E+01	2.45E+01	*
AP-393	AP-392	4	-3.51E-01	AP-425	2	2.00E+00	6	3.69E+00	1.62E+01	+
AP-395	AP-394	2	3.02E+00	AP-419	4	-4.30E+00	7	-3.76E+00	4.45E+00	+
AP-397	AP-396	1	1.00E+01	AP-416	3	2.24E+00	4	1.37E+01	2.25E+01	*
AP-399	AP-398	3	2.25E+00	AP-419	2	9.15E+00	5	1.42E+01	1.13E+01	*
AP-401	AP-400	4	-8.65E-02	AP-422	5	-4.99E+00	6	6.98E+00	1.64E+01	*
AP-403	AP-402	3	-4.96E+00	AP-425	3	-1.35E+00	5	-2.37E+00	2.70E+00	+
AP-405	AP-404	4	-3.91E+00	AP-425	3	-3.62E+00	6	-3.07E+00	1.79E+01	+
AP-407	AP-406	4	-4.50E+00	AP-420	5	-1.07E+01	6	-3.54E+00	1.46E+01	+
AP-409	AP-408	1	1.35E+01	AP-419	3	2.68E-01	4	1.62E+01	2.89E+01	*
AP-411	AP-410	1	8.98E+00	AP-422	4	1.20E+00	4	1.73E+01	1.72E+01	*
AP-413	AP-412	5	-7.53E+00	AP-420	2	5.80E+00	7	-4.05E-01	1.32E+01	+
AP-415	AP-414	1	1.05E+01	AP-425	3	2.93E+00	4	1.52E+01	2.06E+01	*

Anexo 9. Relación de asignación de paternidad en la unidad de producción 3

ID Cría	ID Madre	loci mist	LOD score	ID Padre	loci mist	LOD score	Trio loci mist	LOD score	Delta	Trio conf
AP-427	AP-426	4	-1.10E+01	AP-544	2	1.52E+00	4	-1.07E+00	2.84E+00	+
AP-429	AP-428	3	2.69E+00	AP-544	3	-2.07E+00	4	1.18E+01	1.65E+01	*
AP-431				AP-544	1	1.16E+01				
AP-433				AP-541	1	8.80E+00				
AP-435	AP-434	2	1.09E+01	AP-548	7	-2.45E+01	8	-1.34E+01	2.39E+00	+
AP-437				AP-545	5	-1.62E+01				
AP-439	AP-438	1	6.30E+00	AP-544	2	3.23E-01	3	7.43E+00	7.98E+00	*
AP-441	AP-440A	5	-1.14E+01	AP-548	7	-2.52E+01	9	-2.77E+01	1.21E+00	+
AP-443				AP-544	3	-4.21E+00				
AP-445				AP-541	0	1.46E+01				
AP-447	AP-446	3	-5.90E+00	AP-541	3	-1.98E+00	5	-3.05E+00	2.94E+00	+
AP-449	AP-448	3	-6.50E+00	AP-544	1	5.22E+00	4	9.87E-02	4.98E+00	+
AP-451				AP-544	3	2.46E+00				
AP-453	AP-452	3	-4.48E+00	AP-541	2	2.50E+00	5	-2.93E+00	2.67E-01	+
AP-455	AP-454	2	-7.83E+00	AP-545	1	-3.92E+00	2	-8.51E+00	-3.01E+00	+
AP-457	AP-456	1	4.21E+00	AP-544	2	4.66E+00	3	1.13E+01	1.95E+01	*
AP-459	AP-458	3	-2.82E+00	AP-544	1	6.84E+00	4	7.28E+00	1.16E+01	*
AP-461	AP-460	2	-1.01E-01	AP-539	7	-1.97E+01	11	-3.17E+01	-1.60E+01	+
AP-463	AP-462	1	3.30E+00	AP-548	4	-1.22E+01	5	-1.13E+01	1.80E+00	+
AP-465	AP-464	1	9.80E+00	AP-544	3	-1.70E+00	4	8.55E+00	1.95E+01	*
AP-467				AP-541	0	1.35E+01				
AP-469				AP-544	1	1.78E+00				
AP-471	AP-470	2	-3.02E+00	AP-544	2	2.98E+00	4	4.08E-01	7.02E+00	+
AP-473	AP-472	2	6.66E+00	AP-541	2	4.76E+00	4	1.54E+01	1.69E+01	*
AP-475				AP-545	2	-1.76E+00				
AP-477	AP-476	2	3.75E+00	AP-541	2	-4.40E-01	3	9.30E+00	1.78E+01	*
AP-479	AP-478	1	1.03E+01	AP-541	3	2.00E+00	4	1.57E+01	2.42E+01	*
AP-481	AP-480	2	4.73E-01	AP-544	2	7.72E+00	4	7.62E+00	2.21E+00	*
AP-483	AP-482	3	-2.34E+00	AP-541	1	1.06E+01	4	9.03E+00	1.84E+01	*
AP-485	AP-484	3	3.65E+00	AP-541	2	4.42E+00	4	1.34E+01	1.87E+01	*
AP-489	AP-211	5	-9.23E+00	AP-544	5	-1.04E+01	7	-9.54E+00	7.05E+00	+
AP-490	AP-488	3	-1.16E+00	AP-544	2	2.32E+00	4	5.73E+00	1.78E+01	+
AP-492	AP-491	3	-1.68E-01	AP-541	1	5.66E+00	4	7.02E+00	1.43E+01	*
AP-494	AP-493	4	-7.78E+00	AP-544	0	1.61E+01	5	6.60E+00	-4.37E+00	*
AP-496	AP-495	4	-4.94E+00	AP-545	3	6.55E-01	6	-1.22E+00	3.97E+00	+
AP-498	AP-497	1	6.02E+00	AP-544	2	1.76E+00	4	4.63E+00	1.25E+01	+
AP-500	AP-499	3	-7.28E-01	AP-541	1	2.76E+00	4	5.69E+00	1.62E+01	+
AP-502	AP-501	0	1.42E+01	AP-541	2	6.22E+00	2	2.53E+01	2.41E+01	*
AP-504	AP-503	2	2.74E+00	AP-548	4	-1.15E+01	7	-1.37E+01	2.14E+00	+
AP-506	AP-505	4	-3.75E+00	AP-541	2	6.94E+00	6	3.44E+00	3.58E+00	+

AP-508	AP-507	0	1.67E+01	AP-544	6	-1.72E+01	7	-4.98E+00	4.34E+00	+
AP-510	AP-509	0	7.08E+00	AP-544	0	1.07E+01	0	2.34E+01	4.63E+00	*
AP-512	AP-511	0	1.18E+01	AP-544	1	9.74E+00	1	2.82E+01	3.04E+01	*
AP-514	AP-513	3	4.16E+00	AP-541	2	-9.77E-01	5	6.71E+00	1.07E+01	*
AP-516	AP-515A	1	2.62E+00	AP-544	0	8.26E+00	1	1.29E+01	1.69E+01	*
AP-518	AP-517	0	1.44E+01	AP-544	0	1.14E+01	0	3.36E+01	2.66E+01	*
AP-520	AP-519	2	8.78E+00	AP-544	0	1.16E+01	2	2.66E+01	1.47E+01	*
AP-522	AP-521	6	-1.41E+01	AP-541	6	-1.43E+01	9	-1.86E+01	2.13E+00	+
AP-524	AP-523	1	9.41E+00	AP-544	0	1.36E+01	1	2.80E+01	2.53E+01	*
AP-526	AP-525	0	1.33E+01	AP-541	1	7.70E+00	1	2.73E+01	3.39E+01	*
AP-528	AP-527	4	-6.20E+00	AP-544	2	8.43E-01	4	4.77E+00	7.14E+00	+
AP-530	AP-529	1	9.21E+00	AP-541	0	1.42E+01	1	2.84E+01	2.50E+01	*
AP-532	AP-531	0	1.54E+01	AP-545	5	-1.41E+01	8	-1.33E+01	3.45E+00	+
AP-534	AP-533	3	1.03E+01	AP-544	1	5.12E+00	3	2.51E+01	2.74E+01	*
AP-536	AP-535	2	9.96E+00	AP-541	1	6.98E+00	3	2.29E+01	2.58E+01	*
AP-538	AP-537	0	1.05E+01	AP-539	2	3.88E-01	7	-6.04E+00	5.18E+00	+