

RESUMEN

Autor [Amanca Huaraca, E.M.](#)
Autor [Universidad Nacional Agraria La Molina, Lima \(Peru\).](#)
corporativo [Escuela de Posgrado, Maestría en Producción Animal](#)
Título **Esquema de reproductores macho de referencia para un núcleo genético disperso de alpacas (Vicugna pacos) Huacaya en la Región Pasco**
Impreso Lima : UNALM, 2018

Copias

Ubicación

Código

Estado

Sala Tesis	L10. A4 - T	EN PROCESO
Descripción	71 p. : 13 fig., 18 tablas, 74 ref. Incluye CD ROM	
Tesis	Tesis (Mag Sc)	
Bibliografía	Posgrado : Producción Animal	
Sumario	Sumarios (En, Es)	
Materia	ALPACA MACHO ANIMAL REPRODUCTOR MANEJO DEL GANADO MEJORAMIENTO ANIMAL CRITERIOS DE SELECCION MODELOS GENETICOS METODOS ZONA DE MONTAÑA PERU ALPACA HUACAYA NUCLEO GENETICO REGION PASCO	
Nº estándar	PE2018000050 B / M EUVZ L10	

Los rebaños de alpacas en la Región Pasco, presentan escasos vínculos genéticos conocidos, por lo tanto el mérito genético de los reproductores de diferentes rebaños no pueden ser comparados, ya que los efectos ambientales pueden enmascarar la diferencia genética entre ellos. El propósito del presente estudio fue evaluar un esquema de reproductores macho de referencia para un núcleo genético disperso de alpacas Huacaya en la región Pasco. Se recopiló información para evaluar la capacidad organizacional de los productores y caracterizar la distribución poblacional de sus seis rebaños miembros en el

2016. Se calculó el tamaño del núcleo en base a la necesidad de reemplazo anual de reproductores machos en la majada. Se simuló genealogías para tres esquemas de reproductores macho de referencia (EMR) con 3, 6 y 9 machos, que empadraron al 10, 20 y 30 por ciento de hembras en el núcleo respectivamente en cada generación. Los grupos contemporáneos (GC) fueron definidos por rebaño-año durante tres generaciones. Finalmente, se calculó el grado del vínculo genético utilizando el método de número total de lazos genéticos directos (LGD) entre GC. Se encontró que los rebaños evaluados poseen una estructura genética central y abierta, que mantienen un bajo flujo de animales entre plantel y majada. El tamaño mínimo del núcleo genético disperso fue de 747 hembras y 41 machos. Se reportó en los tres escenarios de EMR simulados, en el núcleo genético disperso, un alto grado de vínculo genético en tres generaciones, que vario de 98.20 a 100.00 por ciento de LGD

Abstract

The alpaca herds in Pasco region have few known genetic links, so the breeding value of the sires from different herds cannot be compared, because the environmental effects can mask the genetic difference among them. The aim of the study was to evaluate a sire reference scheme for a dispersed genetic nucleus of Huacaya alpacas in Pasco. Information was collected to evaluate the organizational capacity of the breeders and characterize the population structure of six herds belonging to the nucleus at 2016. The size of the nucleus was calculated based on the annual replacement of sires for the based group. The genealogy was simulated for the three scenarios of sire reference schemes (SRS) with 3, 6 and 9 males, mating 10, 20 and 30 percent of dams in the nucleus in each generation respectively. The contemporary groups (CG) was determined by herd-year for three generations. Finally, the degree of the genetic link was calculated using the method of total number of direct genetic links (TDGL) among CG. The evaluated herds have a central and open genetic structure, with a low flow of animals between the nucleus and the based group. The minimum size of the dispersed genetic nucleus was 747 dams and 41 males. The three EMR scenarios, in the dispersed genetic nucleus, showed a high degree of genetic link in three generations, ranged from 98.20 to 100.00 percent of TDGL.