

**UNIVERSIDAD NACIONAL AGRARIA  
LA MOLINA**

**ESCUELA DE POSGRADO  
MAESTRIA EN PRODUCCIÓN ANIMAL**



**“ESQUEMA DE REPRODUCTORES MACHO DE REFERENCIA  
PARA UN NÚCLEO GENÉTICO DISPERSO DE ALPACAS  
(*Vicugna pacos*) HUACAYA EN LA REGIÓN PASCO”**

**Presentada por:**

**ELIET MONICA AMANCA HUARACA**

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

**Lima – Perú**

**2018**

**UNIVERSIDAD NACIONAL AGRARIA  
LA MOLINA**

**ESCUELA DE POSGRADO  
MAESTRÍA EN PRODUCCIÓN ANIMAL**

**“ESQUEMA DE REPRODUCTORES MACHO DE REFERENCIA PARA  
UN NÚCLEO GENÉTICO DISPERSO DE ALPACAS  
(*Vicugna pacos*) HUACAYA EN LA REGIÓN PASCO”**

**TESIS PARA OPTAR EL GRADO  
MAGISTER SCIENTIAE**

**Presentada por:**

**ELIET MÓNICA AMANCA HUARACA**

**Sustentada y aprobada ante el siguiente jurado:**

Mg.Sc. Wilder Trejo Cadillo  
**PRESIDENTE**

PhD. Gustavo Augusto Gutiérrez Reynoso  
**PATROCINADOR**

PhD. Javier Ñaupari Vásquez  
**MIEMBRO**

PhD. Juan Francisco Chávez Cossío  
**MIEMBRO**

## **DEDICATORIA**

A Dios por darme la vida;  
a mis padres por alentarme en mi lucha constante,  
a mis hermanos, especialmente a Katherine y Rocío  
a mis sobrinas Leyla y Valery, mi gran motivación.

## **AGRADECIMIENTO**

Al PhD. Gustavo Gutiérrez Reynoso, patrocinador del presente trabajo de investigación y por sus valiosas enseñanzas.

A los miembros de mi comité consejero: PhD. Juan Chávez Cossío, PhD. Javier Ñaupari Vásquez, Mg.Sc. Wilder Trejo Cadillo, por la revisión y sugerencias en la redacción de la presente investigación.

Al Mg.Sc. Jorge Calderón Vásquez por sus enseñanzas y constante guía en el presente estudio, PhD. Vanerlei Mozaquatro Roso y PhD. Juan José Jurado por las explicaciones en el análisis de los vínculos genéticos, y Mg.Sc. Manuel More Montoya por las sugerencias en la etapa de simulación de genealogías.

Al Concejo Ciencia y Tecnología por la beca de estudios de maestría, al Dr. Enrique Ampuero Casquino e Ing. Juan Alpaca Meléndez por su confianza brindada.

Al proyecto VLIR – UNALM por las facilidades dadas en los registros de producción, Mg.Sc. Jorge Mendoza Delgado por los trabajos en campo y sugerencias para el desarrollo de la presente investigación.

Al equipo técnico del laboratorio del programa de investigación y proyección social en ovinos y camélidos (POCA) por su facilidad brindada para el análisis de fibra.

A los productores de alpacas de la región Pasco especialmente a Rubén, Daile, Víctor y Edgardo por su colaboración constante y su amistad brindada.

A todas las personas que con sus palabras y actos me motivaron constantemente, en especial a Blanca, Vicente y Camilo, mis amigos y compañeros de estudios de la maestría, Khaterine, Nathali, Cynthia, Juan Alpaca, Darcy, Jhony, Ruben C., Julio y Aldo por compartir su amistad y compañerismo.

## RESUMEN

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.

**Palabras clave:** Alpaca, macho referencia, núcleo disperso, vínculo genético.

## SUMMARY

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.

**Key words:** Alpaca, sire reference, nucleus dispersed, and genetic link.

## ÍNDICE GENERAL

I.	INTRODUCCIÓN .....	1
II.	REVISIÓN DE LITERATURA .....	3
2.1.	CARACTERÍSTICAS PRODUCTIVAS DE LA ALPACA .....	3
2.1.1.	Diámetro de fibra .....	3
2.1.2.	Peso de vellón sucio .....	4
2.2.	ESTRUCTURA GENÉTICA .....	5
2.2.1.	Estructuras genéticas en el mejoramiento genético de la alpaca.....	7
2.2.2.	Tipos de estructura genética.....	8
a.	Estructura según el flujo genético .....	8
b.	Estructura según la forma de establecimiento del núcleo .....	11
2.2.3.	El tamaño y diseminación genética del núcleo .....	13
2.3.	ESQUEMA DE MACHOS DE REFERENCIA .....	14
2.3.1.	Esquema de macho referencia para la estimación del mérito genético.....	15
2.3.2.	Funcionamiento del esquema de machos de referencia .....	16
2.3.3.	El grado de vínculo genético .....	17
a.	Coeficiente de determinación (CD).....	17
b.	Correlación entre las varianzas de los errores de predicción de varianza genética .....	18
c.	El número total de lazos genéticos directos entre grupos contemporáneos (LGD). .....	18
III.	MATERIALES Y MÉTODOS.....	20
3.1.	LOCALIZACIÓN.....	20
3.2.	DESCRIPCIÓN DE LA ESTRUCTURA GENÉTICA DE LOS REBAÑOS. 21	
3.2.1.	Estructura organizacional de los rebaños .....	21
3.2.2.	Estratos de los rebaños .....	23
a.	Plantel.....	23

b.	Majada.....	26
3.2.3.	Flujo de animales en la estructura genética de los rebaños.....	26
3.3.	CÁLCULO DEL TAMAÑO DE NÚCLEO.....	27
3.4.	SIMULACIÓN DE ESQUEMAS DE REPRODUCTOR MACHOS DE REFERENCIA.....	29
3.4.1.	Simulación de genealogía para los esquemas de machos de referencia.....	29
3.4.2.	Calculo del grado de vínculo genético de los esquemas de machos de referencia.....	34
IV.	RESULTADOS Y DISCUSIONES .....	35
4.1.	ESTRUCTURA GENÉTICA .....	35
4.1.1.	Estructura organizacional de los rebaños .....	35
4.1.2.	Los planteles.....	37
4.1.3.	Las majadas .....	41
4.1.4.	Flujo de animales en la estructura genética.....	42
4.2.	TAMAÑO DEL NÚCLEO.....	45
4.3.	SIMULACIÓN DE LOS ESQUEMAS DE MACHOS DE REFERENCIA ...	49
4.3.1.	Grado de vínculo genético del esquema de machos de referencia.....	49
V.	CONCLUSIONES .....	53
VI.	RECOMENDACIONES .....	54
VII.	REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS .....	55
VIII.	ANEXOS .....	64



## ÍNDICE DE TABLAS

Tabla 1:	Parámetros genéticos y fenotípicos del diámetro de fibra de alpacas Huacaya criadas en diferentes rebaños.....	4
Tabla 2:	Parámetros genéticos y fenotípicos del peso de vellón de alpacas Huacaya criadas en diferentes rebaños.....	5
Tabla 3:	Criterios para la calificación organizacional de las organizaciones propietarias de los rebaños evaluados en la región Pasco.....	22
Tabla 4:	Criterios para estratificación poblacional.....	24
Tabla 5:	Número de hembras empadradas con reproductores machos de referencia.	32
Tabla 6:	Número de hembras empadradas con reproductores machos de referencias y sus progenies logrados para selección.....	33
Tabla 7:	Formación de grupos contemporáneos.....	34
Tabla 8:	Características organizacionales de los rebaños evaluados en la región Pasco.....	36
Tabla 9:	Número de alpacas por plantel, clasificados por edad y sexo en los diferentes rebaños evaluados en la región Pasco.....	38
Tabla 10:	Número de alpacas por plantel, agrupados por clase y sexo en los diferentes rebaños evaluados en la región Pasco.....	39
Tabla 11:	Caracterización del diámetro de fibra y peso de vellón sucio de los planteles estudiados en la región de Pasco.....	41
Tabla 12:	Número de alpacas en la majada, clasificadas por sexo y edad.....	42
Tabla 13:	Flujo de animales entre estratos y entre rebaños, de rebaños evaluados en la región Pasco.....	44
Tabla 14:	Tamaño calculado de los planteles, para los seis rebaños evaluados en la región Pasco.....	46
Tabla 15:	Tamaño real de los planteles, para los seis rebaños evaluados en la región Pasco .....	47
Tabla 16:	Número de alpacas de reemplazo en el plantel y majada.....	48

Tabla 17:	Número total de vínculos genéticas de grupos de comparación con otros grupos.....	50
Tabla 18:	Grado de vínculo genético entre progenies.....	53

## ÍNDICE DE FIGURAS

Figura 1:	Estructura de núcleo cerrado con dos y tres estratos.....	9
Figura 2:	Estructura genética de núcleo abierto dos y tres estratos .....	10
Figura 3:	Núcleo central cerrado (a) y abierto (b).....	12
Figura 4:	Ubicación geográfica del área de estudio.....	20
Figura 5:	Estructura del flujo de animales en un rebaño evaluado.....	28
Figura 6:	Esquema con tres reproductores machos de referencia.....	30
Figura 7:	Esquema con seis machos de referencia.....	31
Figura 8:	Esquema con nueve machos de referencia.....	31
Figura 9:	Escalamiento para obtención de progenies.....	34
Figura 10:	Distribución de alpacas hembras por clase en el núcleo.....	39
Figura 11:	Distribución de alpacas machos por clase en el núcleo.....	40
Figura 12:	Distribución y flujo de alpacas en el rebaño 1, para el tamaño calculado ..	48
Figura 13:	Porcentaje de grupos contemporáneos con vínculo genético con los demás grupos.....	52

## ÍNDICE DE ANEXOS

Anexo I.	Modelo de registro para inventario de los planteles.....	64
Anexo II.	Modelo de registro de planilla mensual.....	64
Anexo III.	Inventario de alpacas en el plantel por sexo, edad y clase.....	65
Anexo IV.	Número de progenies logradas para reemplazo, por rebaño evaluado con sus respectivos parámetros.....	66
Anexo V.	Número de progenies para reemplazo en el plantel y majada, en cada rebaño estudiado.....	67
Anexo VI.	Códigos Fortran 99 para simular genealogía.....	68
Anexo VII.	Valores de medias y varianzas usadas para la simulación de fundadores...	69

## I. INTRODUCCIÓN

La crianza de alpacas es una de las actividades principales que realiza el poblador alto andino en un hábitat por encima de los 3,000 msnm, aprovechando de manera eficiente las inmensas áreas de praderas naturales para la producción de fibra y carne (Quispe *et al.*, 2009a). El Perú es el país con mayor número de alpacas en el mundo, con una población de 3'685,500 ejemplares que representa el 87 por ciento a nivel mundial, concentrado principalmente en el sur del Perú; en la última década se ha incrementado, especialmente en la región Pasco, que registró un incremento del 600 por ciento, resultando un total de 145,687 animales (INEI, 2012).

El 70 por ciento de las alpacas del país son criadas en un sistema tradicional, caracterizado por un bajo nivel tecnológico, que conlleva a obtener bajos ingresos y a la disminución de la calidad genética de los animales (Huanca, *et al.* 2007 y Huanca, 2012). Tanto los sistemas de crianza tradicionales como los semi-tecnificados desarrollan diferentes estrategias para la mejora de la calidad de fibra, pero con resultados poco satisfactorios (Mueller, 2013; Quispe, 2010). Además, la difusión de la genética en los animales tiene grandes limitaciones debido a que son criados en rebaños aislados geográficamente; por lo que Wurzinger *et al.* (2008), sugieren como una alternativa el núcleo disperso, que permitiría al productor el acceso a los reproductores generados.

La población de alpacas en el país se caracteriza por estar compuesta de rebaños con pocos animales que se crían independientemente lo cual causa una rápida disminución de su variabilidad genética; o, en ocasiones el productor recurre a comprar machos fuera de su rebaño (Jurado, 2005; Mueller, 2013). Sin embargo, se enfrenta al problema de incertidumbre sobre su mérito genético, no siendo factible compararlos con los de su propio rebaño, debido a que se encuentran genéticamente desvinculados, o mantienen un débil vínculo genético; donde los efectos ambientales pueden enmascarar la diferencia genética de los animales (Lewis y Simm, 2000; Kuehn, *et al.* 2007; Haile *et al.*, 2011).

Establecer un vínculo genético entre rebaños permite comparar los animales que los conforman (Lewis y Simm, 2000); cuya precisión en la comparación depende del grado de vínculo entre los grupos. A menor vínculo genético entre ellos, la comparación de reproductores machos de diferentes rebaños es menos precisa, incluso si la precisión de la evaluación del valor genético es alta dentro de estos (Roso *et al.*, 2004). Por esta razón una metodología bastante usada para crear vínculo genético en rebaño de ovinos, es el esquema reproductor macho de referencia que consiste en el uso compartido de ciertos machos (Roden, 1996). El esquema de reproductores macho de referencia, con el uso amplio de inseminación artificial podría crear altos grados de vínculos entre los rebaños (Simm *et al.*, 2001).

El objetivo del presente este estudio fue evaluar un esquema de machos de referencia para un núcleo genético disperso de alpacas Huacaya, en seis rebaños de sistemas semi-tecnificados y con monta natural en la región Pasco. Los objetivos específicos fueron; i) describir la estructura genética de los rebaños; ii) calcular el tamaño del núcleo; y, iii) simular el esquema de reproductores machos de referencia para obtener un alto grado de vínculo genético en el núcleo disperso.

## II. REVISIÓN DE LITERATURA

### 2.1. CARACTERÍSTICAS PRODUCTIVAS DE LA ALPACA

#### 2.1.1. Diámetro de fibra

El diámetro de fibra (DF) es un parámetro productivo importante para la selección de las alpacas, porque es tomado muy en cuenta por la industria textil para determinar su precio en el mercado, a pesar que la comercialización de la fibra se realiza por la venta en peso de vellón, se da incentivos por finura de fibra (Quispe *et al.*, 2009a).

El avance tecnológico ha facilitado la medición más precisa del diámetro de fibra, lo cual ayuda en la selección objetiva de los animales. Según el análisis realizado por De Los Ríos (2006) el 20 por ciento de la producción corresponde a fibra gruesa, con diámetro mayor a 29  $\mu\text{m}$ , el 46 por ciento es semi fina entre 26.6 a 29.0  $\mu\text{m}$ ; el 22 por ciento es fina, con diámetros entre 23.1 – 26.5  $\mu\text{m}$ ; y, un 12 por ciento es extrafina, con finuras menores de 23.1  $\mu\text{m}$ . En Australia, los rebaños de alpacas presentan un 10 por ciento de animales con finura media de 24  $\mu\text{m}$  y más del 50 por ciento con finura media de 29.9  $\mu\text{m}$  (Mc Gregor, 2006). Existen diferentes factores que tienen efecto sobre el diámetro de fibra, lo cual explicaría la alta variabilidad obtenida en los diferentes estudios (Gutiérrez *et al.*, 2009).

La edad es uno de los aspectos de gran importancia asociados al diámetro promedio de fibra, tendiendo a incrementar según pasan los años del animal (Quispe, *et al.*, 2013; Candio, 2011; McGregor *et al.*, 2012); así, se ha reportado que las alpacas huacaya animales jóvenes de un año de edad, hayan registrado un promedio de 17.4  $\mu\text{m}$ , mientras los adultos de seis años de edad alcanzaron hasta 27.5  $\mu\text{m}$ . (Quispe *et al.*, 2013).

El diámetro de fibra por sexo también muestra algunas diferencias. Candio, (2011) encontró  $18.71 \pm 1.14$   $\mu\text{m}$  para machos y  $17.82 \pm 1.71$   $\mu\text{m}$  en hembras, en un estudio realizado en la Unidad de Producción SAIS Pachacutec. Por su parte, Quispe *et al.* (2009a) registraron datos de DF por edad, según cronometría dentaria; para dientes de leche 20.75

$\mu\text{m}$ , dos dientes, 21.67  $\mu\text{m}$ ; cuatro dientes, 22.75  $\mu\text{m}$  y boca llena, 23.0  $\mu\text{m}$ . Por otra parte también se observa que la selección de los animales a pesar de ser subjetiva muestran diferencias fenotípicas entre las clases Súper con 21.88  $\mu\text{m}$ , B con 22.78  $\mu\text{m}$  y C con 23.82  $\mu\text{m}$  (Corredor, 2015). Algunos parámetros genéticos del DF, estimados por diferentes autores, en diferentes poblaciones de alpacas, se muestran en la Tabla 1.

**Tabla 1: Parámetros genéticos y fenotípicos del diámetro de fibra de alpacas  
Huacaya criadas en diferentes rebaños**

Autor	$h^2$	R	Lugar
Ponzoni <i>et al.</i> , 1999.	0.67	-	Australia
Wuliji <i>et al.</i> , 2000.	0.73	0.92	Nueva Zelanda
Velarde y Guerrero, 2001	0.18	-	Puno - Perú
Gutiérrez <i>et al.</i> , 2009.	0.41	0.58	Puno - Perú
Cervantes <i>et al.</i> , 2010.	0.37	-	Puno – Perú

### 2.1.2. Peso de vellón sucio

El vellón es el conjunto de fibras que cubren el cuerpo de la alpaca y que es obtenido luego de la esquila. Tiene tres regiones de acuerdo a su calidad: manto, cuello y braga (McGregor, 2006). La cabeza, barriga y braga presentan fibras gruesas, al igual que las extraídas de las extremidades anteriores y posteriores; sus pesos referenciales son de 0.74 Kg, 0.86 Kg y 2.01 Kg respectivamente (Aylan y McGregor, 2002).

A nivel de pequeños productores se estima una producción promedio bianual por animal de 2.1 kg, mientras que en una crianza semi-tecnificada, se obtiene una producción anual 2.3 kg por animal (Nieto y Alejos, 1999). Otro factor por el cual se diferencia el peso de vellón sucio (PVS) es el sexo. En alpacas adultas, los machos de 3.8 kg y las hembras de 3.0 kg (Candio, 2011). Diversos autores mencionan que a medida aumenta la edad incrementa el peso de vellón sucio (Quispe, 2010, Corredor, 2015). Las diferencias en peso de vellón, por la clasificación visual de los animales, permiten su agrupación en las categorías de súper S, clase B y clase C con una producción de 2.83, 2.69 y 2.57 kg, respectivamente (Corredor, 2015).



Los parámetros genéticos y fenotípicos del PVS han sido estimados en diferentes circunstancias por más de un investigador (Tabla 2), mostrándose algunos datos de heredabilidad ( $h^2$ ), repetibilidad (R)

**Tabla 2: Parámetros genéticos y fenotípicos del peso de vellón de alpacas Huacaya criadas en diferentes rebaños**

Autor	$h^2$	R	Lugar
Ponzoni <i>et al.</i> , 1999.	0.67	-	Australia
Wuliji <i>et al.</i> , 2000.	0.63	0.92	Nueva Zelanda
Velarde y Guerrero, 2001	0.38	-	Puno – Perú
Gutiérrez <i>et al.</i> , 2009.	0.09	0.32	Puno – Perú

## 2.2. ESTRUCTURA GENÉTICA

La estructura genética de las poblaciones se compone de dos ramas interrelacionadas, la demográfica y la genética propiamente dicha. La primera está determinada por los procesos asociados a los parámetros productivos, dispersión, sistema de apareamiento e historia de vida, y la segunda a procesos que involucran a los genes como selección, recombinación y mutación (Slatkin, 1987).

La estructura genética puede predecirse a partir del conocimiento de la estructura demográfica, permitiendo conocer cómo se llevó a cabo el flujo de genes (Slatkin, 1987; Cervantes, 2008). Plantear una adecuada estructura genética, mediante esquemas para el apareamiento selectivo, básicamente se refiere a la estratificación de uno o varios rebaños; siendo una estrategia efectiva el apareamiento de lo mejor con lo mejor, aumentando la probabilidad que la descendencia lleve los mejores genes (Mueller, 2013). Por su parte, Cardellino y Rovira (1988) señalan que la mejor respuesta a los problemas de mejoramiento genético de una especie, en determinada localidad, país o región, recae en el uso adecuado de los recursos genéticos que disponen.

Las estructuras genéticas están diseñadas para dividir la población en estratos, es decir agrupar animales por su superioridad genética en ciertos caracteres. El estrato selecto

denominado plantel, elite o núcleo, fundamentalmente disemina sus cualidades genéticas a través de sus progenies usando la inseminación artificial o la monta controlada (Mueller *et al.*, 2015a). Además los machos, denominados mejoradores, que difunden la genética en la población base o majada, igualmente presentan valores genéticos positivos y altos con fiabilidad superior a 60 por ciento, por tanto están suficientemente probados (Jiménez y Jurado, 2005).

Existe diversidad de esquemas de selección, peculiares unos de otros, que son usados en determinadas poblaciones y especies, según las características relacionadas a la actitud participativa del productor y el nivel tecnológico de la crianza (Haile *et al.*, 2011). El establecimiento del núcleo es una opción muy interesante cuando se persiguen objetivos de mejora específicos o se tiene serias dificultades de acceder a machos reproductores (Mueller, 2001). Pero no siempre es recomendable implementar el núcleo con hembras de la majada general, ya que la experiencia indica para que un núcleo produzca buena progenie en el corto plazo, no sólo hay que buscar buenos reproductores machos, sino que también hay que comenzar con buenas madres (Mueller *et al.*, 2015a).

El diseño de un programa de mejora de pequeños rumiantes, basado en comunidades, sigue los pasos básicos de la planificación de programas convencionales, que consideran: i) el entorno favorable, la comprensión del sistema de producción y la definición del objetivo de mejora genética; ii) la elección de los criterios de selección y registros de producción; iii) el establecimiento de una estructura genética y su organización; y; iv) la evaluación del programa (Mueller, 2017). Es así que la selección genética de los mejores animales está vinculada a aspectos esenciales como la definición de los objetivos de mejoramiento (meta que se propone el productor) y la elección de los criterios de selección (variables utilizadas para ranquear los animales), se desea que entre ellos exista alta correlación genética (Gutiérrez *et al.*, 2009).

Las características se pueden evaluar de manera visual u objetivas, en general ambos son necesarios, los caracteres que se encuentran en el criterio de selección son planteados según el objetivo de selección (Urioste *et al.*, 2003). Los criterios de selección permiten medir los resultados, son los únicos datos para controlar la ganancia genético obtenido en las nuevas generaciones (Gizaw *et al.*, 2010).

El programa de mejoramiento genético debe ser flexible, y susceptible a ser revisado periódicamente, por los responsables directos del mismo, como son el administrador de la producción, el especialista en el tema y los pastores responsables del llenado de registros (genealógicos y de producción) y de los servicios de evaluación (Mueller *et al.*, 2015a).

### **2.2.1. Estructuras genéticas en el mejoramiento genético de la alpaca**

La crianza de alpaca tiene como objetivo de mejoramiento genético el incrementar los ingresos del criador a través de una mayor producción por unidad de recurso y mayor valor de calidad por unidad del producto (Renieri *et al.*, 2007; Gutiérrez *et al.*, 2009; Quispe, 2010; Gutiérrez, 2011).

En el Perú se vienen ejecutando diferentes programas de mejoramiento genético, planteados según las características de la población, en su mayoría con la finalidad de disminuir el diámetro de fibra; pero pese al gran esfuerzo de los productores e instituciones, se tiene resultados poco satisfactorios (Quispe, 2010). En el sur del país, el Centro de Investigación y Producción de Quimsachata, concentró un núcleo de 1500 alpacas, de 18 colores distintos, formando así un banco de germoplasma; mediante inseminación artificial logró difundir su genética en 14,000 alpacas; y, como resultado, la consanguinidad fue de 0.04 por ciento, considerado un nivel adecuado y aceptable (Mamani, 2013).

Por otro lado Mueller (2008), señala la experiencia del SPAR Macusani; menciona que hace 11 años inicio un programa de mejoramiento genético basado en la estratificación de sus animales, en un esquema de selección por núcleo central en dos localidades (Munay Paq'ocha e Itita), proveyendo reproductores a 10 centros de monta, donde los criadores empadran sus alpacas hembras. La Rural Alianza es otro centro de producción que también trabaja con un programa de mejoramiento genético, mediante estructura estratificada por núcleo central (Mueller, 2008). La experiencia de ambos programas permite decir que el éxito de la producción básicamente es alcanzado cuando los productores están organizados, existe una concertación interinstitucional, cuentan con laboratorio de fibras y convenio con instituciones (Mueller, 2008).

Por su parte el Centro de Producción de Pacamarca del Grupo Inca, viene trabajando en el mejoramiento genético aplicado a toda su población. Ha desarrollado un software, el

Paco Pro, para el manejo de información, que les permite llevar registros eficientemente. Los caracteres del diámetro de fibra son medidos objetivamente y se estiman valores genéticos para seleccionar a los futuros reproductores. Además de realizar una evaluación visual, sobre los caracteres de cobertura de las extremidades y cabeza, conformación del cuerpo y eliminación de animales con efectos congénitos (Cervantes *et al.*, 2010; Gutiérrez *et al.*, 2009).

Así mismo, el Centro de Estudios y Promoción de Desarrollo (DESCO), en su Centro de Desarrollo Alpaquero de Tocra, ubicado en la provincia de Caylloma - Arequipa, inició un programa de mejoramiento genético de alpacas en el año 2005 mediante un núcleo abierto, para las características de peso de vellón, diámetro de fibra y coeficiente de variabilidad. La tendencia genética hasta el año 2013, se mostró positiva para el peso de vellón en +0.023 kg/año, el diámetro de fibra en -0.062  $\mu\text{m}/\text{año}$  y el coeficiente de variabilidad de +0.199 por ciento/ año (Quina *et al.*, 2005).

En el centro del Perú la SAIS Pachacutec (Junín), y la SAIS Túpac Amaru (Huancavelica), realizaron la estratificación de sus animales, en planteles y en base comunitaria (Quispe, 2009b). Después del estudio realizado, para estructuras genéticas de alpacas en ocho comunidades de Huancavelica, se planteó establecer núcleos centrales y núcleos individuales, que funcionan como núcleo disperso (Quispe, 2010). La selección de los mejores animales para la estratificación de los rebaños fue detallada por Barrantes (2012) y Corredor (2015); que la describen y clasifican los animales en las categorías Súper, A, B, C y R, de forma descendiente, según al criterio de la alpaca ideal.

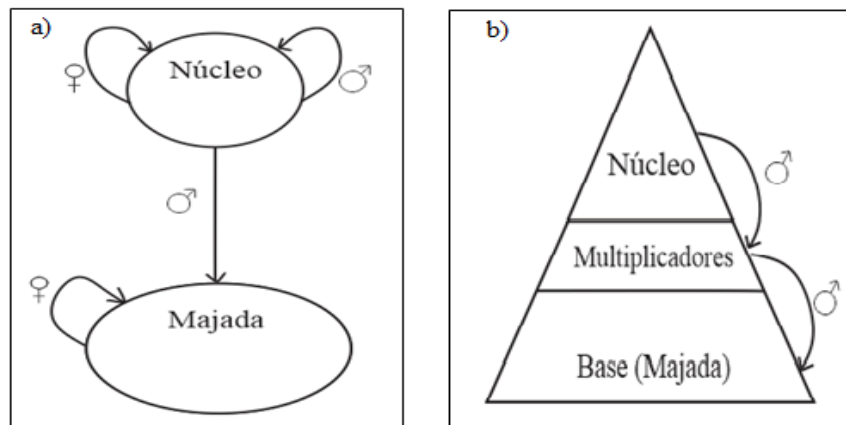
### **2.2.2. Tipos de estructura genética**

#### **a. Estructura según el flujo genético**

El flujo genético es un componente principal de la estructura poblacional, porque determina hasta qué punto cada población local o estrato de una especie es una unidad evolutiva independiente (Slatkin, 1987). La proporción de flujo genético entre poblaciones locales genera su grado de vínculo genético; si existe gran cantidad de flujo genético todas las poblaciones evolucionan juntas, pero si hay poco flujo cada población evoluciona en forma casi independiente (Cardellino y Rovira, 1988). Existen dos tipos de estructuras genéticas según su flujo genético, estas son el núcleo cerrado y el núcleo abierto.

- Núcleo cerrado

Se caracteriza por conformar un grupo de los mejores animales superiores que no permiten el ingreso de animales y/o material genético de otros estratos o rebaños (Haile *et al.*, 2011). De acuerdo a diversos trabajos, esta estructura puede ser muy efectiva cuando el tamaño de la población es grande y la operación del núcleo posee es controlado adecuadamente. La importancia del tamaño de núcleo es para reducir los efectos de consanguinidad, con capacidad para abastecer el número de padres necesarios a la majada y su propio reemplazo (Cardellino y Rovira, 1988). En un sistema de núcleo cerrado la tasa de consanguinidad del núcleo y la majada, dependen del control del núcleo (Gizaw *et al.*, 2014a), motivo por el cual, la estructura con estratos multiplicadores fue más efectiva (Figura 1).

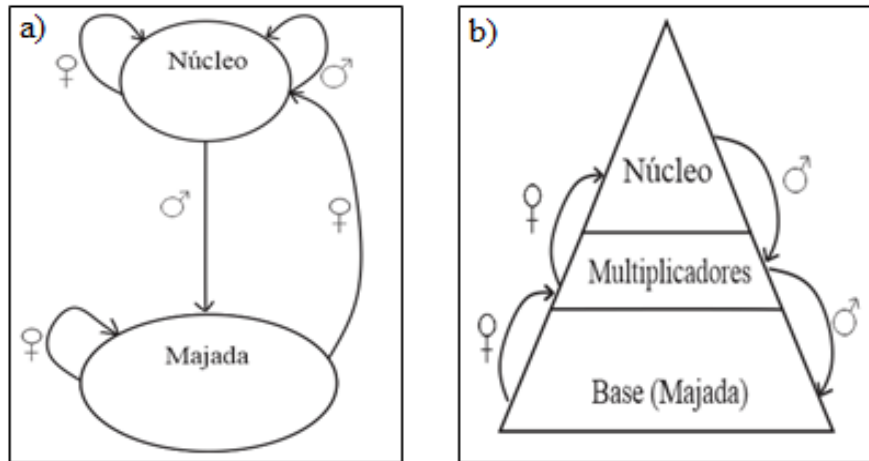


**Figura 1: Estructura de núcleo cerrado con dos y tres estratos**

FUENTE: Modificado de Haile *et al.*, 2010 (a); Renieri *et al.*, 2007 (b)

- Núcleo abierto

El núcleo abierto es la estructura genética que permite el ingreso de reproductores y/o material genético de otros estratos inferiores, permite el flujo de genes de la majada o de otros rebaños, como se muestra en la Figura 2 (Cardellino y Rovira, 1988 y Haile *et al.*, 2011). Cuando el núcleo se abre a la migración de hembras desde la base, esta acción aumenta el tamaño efectivo de la población por permitir la formación de líneas parcialmente aisladas (James, 1977).



**Figura 2: Estructura de núcleo abierto con dos y tres estratos**

FUENTE: Modificado de Haile *et al.*, 2011 (a); Renieri *et al.*, 2007(b)

El núcleo abierto es una propuesta práctica que se aplica al establecer cualquier estructura genética poblacional, de manera que se agrupa a las mejores hembras disponibles en el rebaño para el núcleo y se abastece de mejores machos (Iñiguez *et al.*, 2013). La característica principal de esta estructura es la contribución de los criadores con sus mejores hembras al núcleo, que serán las madres de los futuros machos reproductores (Mueller, 2013). Renieri *et al.* (2007) planteó una variante de la estructura de núcleo abierto en alpacas, compuesto por 3 estratos, con alpacas de Tocra en Arequipa, demostrando que el progreso genético es mayor en el estrato multiplicador, siempre que se realice buena administración de los registros.

Por otro lado, es importante resaltar la ventaja de esta estructura genética, la cual se fundamenta en el mayor control de la consanguinidad, por lo que Cardellino y Rovira (1988) mencionan que probablemente esta sea la mitad de la generada en el núcleo cerrado. El núcleo abierto también posee ventaja desde la perspectiva adaptativa y fijación de características deseables de la población base que están aseguradas en los machos producidos en el núcleo, por ser hijos de hembras aportadas por este mismo estrato (Mueller, 2017).

James (1977), propuso una fórmula para calcular la tasa de consanguinidad de la estructura de núcleo abierto, de tal manera es factible su control adecuado.

$$\Delta F = \left( \frac{g^2}{8n_{MN}} + \frac{(1-g)^2}{8n_{MB}} \right) / (gL_N + (1-g)L_B)^2$$

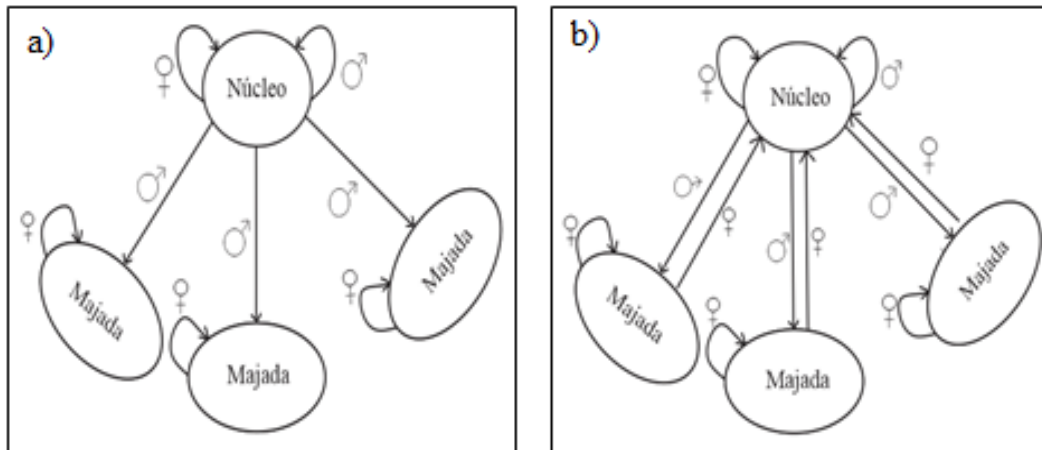
Donde:

- $\Delta F$ : Tasa de consanguinidad
  - $g$ : Es la proporción del flujo total de genes que se originan en el núcleo y es calculado mediante la fórmula  $g = (w + y)/(w + y + x + v)$ , y es la proporción de hembras nacidas en la base que se integran al núcleo,  $x$  es 0.5 la mitad de la tasa del núcleo cerrado,  $v$  proporción de machos en el núcleo nacidos en la base y  $w$  proporción de machos nacidos en el núcleo.
  - $n_{MN}$  y  $n_{MB}$ : Son los números de nuevos machos y hembras usados cada año en el núcleo y base.
  - $L_N$  y  $L_B$ : Son el intervalo generacional de macho y hembras.
- b. Estructura según la forma de establecimiento del núcleo

Denominados también esquemas cooperarios, son de tamaño grande ya que incluyen a varios rebaños, pues pueden incluir a productores con un número limitado de animales (Cardellino y Rovira, 1988). Típicamente los programas de mejoramiento genético para pequeños rumiantes en base comunitaria son planteados mediante estas estructuras, los integrantes que tienen un interés común para mejorar y compartir recursos genéticos (Mueller *et al.*, 2015b). Sin embargo, la implementación de estas estructuras genéticas traen consigo un reto, particularmente su sostenimiento en el pasar de las generaciones (Haile *et al.*, 2011; Wurzinger *et al.*, 2008).

– Núcleo central

El núcleo central, es la estructura genética que permite agrupar en estratos a la población de animales de más de un rebaño y seguidamente ubicarlos geográficamente en un solo lugar como se muestra en la Figura 3; esencialmente es un núcleo cooperario ya que participan rebaños asociados (Mueller, 2013). El establecimiento de un único núcleo se inicia concentrando los animales con mayor valor genético para los caracteres de interés a mejorar, tanto hembras y machos aportados por la majadas inicialmente (Ahuya *et al.*, 2005). Se distinguen dos tipos de núcleo central, cerrados y abiertos. El primero se caracteriza por poseer un flujo de animales exclusivamente del núcleo hacia las bases de estratos inferiores (majadas). Mientras que el segundo permite el flujo de hembras o machos de los estratos base hacia el núcleo, pues las hembras de reemplazo provienen parcialmente de él mismo y la otra parte del estrato base (Cardellino y Rovira, 1988).



**Figura 3: Núcleo central cerrado (a) y núcleo central abierto (b)**

FUENTE: Modificado de Cardellino y Rovira, 1988

La principal ventaja del núcleo central básicamente es el buen control de producción, recolectando los registros de una manera precisa, esto a su vez permite realizar una buena valoración genética de los animales; funciona adecuadamente cuando existe una eficiente administración (Mueller, 2013). Mientras tanto, la desventaja, es que los criadores deben ponerse de acuerdo sobre el establecimiento, planificación, organización e infraestructura, por lo que resulta, en muchas ocasiones, complicada su sostenibilidad a lo largo de los años (Mueller *et al.*, 2015b). La estructura de núcleo central sólo funciona mientras exista el apoyo de las instituciones o del gobierno quienes proporcionan asistencia técnico, por lo que no es recomendable para la producción de sistemas tradicionales o semi tecnificados (Kosgey *et al.*, 2006; Gizaw *et al.*, 2010; Haile *et al.*, 2011).

Jackson y Turner (1972) plantearon dicha estructura en la crianza de ovinos con el objetivo de incremento de peso, el resultado en progreso genético fue de 0.078 kg por generación, considerando que todas las ovejas que no fueron seleccionadas en el núcleo pasaron a la majada y las mejores hembras nacidas en la majada pasan a reemplazar borregas del núcleo. Por otra parte, la estructura de núcleo central cerrado resultó ser más eficiente, logrando incrementar la ganancia genética en el núcleo para ovinos de la raza Menz, pero fue muy difícil de operar, porque esto requirió de un núcleo central grande (Gizaw *et al.*, 2014a).

La estructura de núcleo central cerrado, denominado también tradicional, desaprovecha genes favorables que puedan encontrarse en el 98 por ciento de la población al no permitir el acceso de individuos de las majadas, sin embargo, no se le considera ineficiente, ya



que la población estructurada, con flujo genético bidireccional, puede incrementar el ritmo de mejora entre un 10 a 15 por ciento más, porque las majadas aportan gran parte de las reproductoras de reemplazo (Mueller, 2013). Sin embargo, según James (1978), la ganancia genética lograda es aún mayor en un sistema de núcleo central y abierto.

– Núcleo disperso

En el sistema de estructura genética mediante núcleo disperso, a diferencia del núcleo central, los criadores participantes forman varios núcleos con sus mejores animales, los mismo que se encuentran ubicados geográficamente en distintos lugares (Mueller *et al.*, 2015b). Es decir cuando las mejores hembras productoras de machos mejoradores están en varios rebaños el núcleo se llama disperso. La estructura de núcleo disperso es una alternativa que debe ser tomada para integrar varios productores, su funcionalidad se basa en el buen acuerdo y participación activa de los encargados de la producción (Wurzinger *et al.*, 2008); en este caso, es importante el flujo de animales entre los rebaños de los criadores participantes (Cardellino y Rovira, 1988).

Pocos especialistas han planteado la implementación de este tipo de estructura, porque consideran que la conducta prevaleciente entre los criadores de alpacas es la de no compartir los animales que consideran de buena calidad genética; sin embargo, aceptan la propuesta una vez concientizados en temas de mejoramiento genético (Renieri *et al.*, 2007; Lanari *et al.*, 2009; Mueller, 2013). Al respecto, es posible optar por un camino más largo, como el reportado por un programa de mejoramiento genético en comunidades productoras de caprinos Mohair; que se inició como núcleo centralizado y luego se transformó en un sistema de núcleo disperso, con uso de machos de referencia, y finalmente se convirtió en un esquema de evaluación y selección poblacional (Abad *et al.*, 2002).

### **2.2.3. El tamaño y diseminación genética del núcleo**

Wurzinger *et al.* (2008), diseñó una metodología para estimar la cantidad de machos llamas nacidas de un núcleo, cuando se conoce la cantidad de hembras seleccionadas como reproductoras, el cual consiste en un escalamiento de parámetros productivos y reproductivos hasta obtener la cantidad de machos progenitores requeridos para ello.

El núcleo, es el estrato encargado de la mejora genética y su difusión. Mueller (2013) señala la importancia del tamaño del núcleo, si este se conoce, resulta fácil calcular el número aproximado de hembras que pueden ser apareadas en el estrato majada con machos provenientes del núcleo, con la finalidad de determinar el número de machos generados. El cálculo puede realizarse en sentido inverso para estimar cuantas hembras del núcleo son necesarias para generar una determinada población de hembras del estrato majada. Lo expresa en la siguiente formula:

$$M_M = \frac{n_F \times r \times s}{(mr \times rr)}$$

Donde:

- $M_M$ : Número de machos nacidos para el estrato majada.
- $n_F$ : Número de hembras en el núcleo.
- $r$ : Tasa de reproducción efectiva.
- $s$ : La presión de selección, es el porcentaje de los animales que cumplen con las características deseadas, por ende es necesario su reproducción en la población.
- $mr$ : Tasa de apareamiento, siendo este la relación de un macho para la cantidad de hembras destinadas.
- $rr$  : Tasa de reemplazo, se entiende por tasa de reemplazo o tasa de reposición al número de animales requeridos para reemplazar los animales que han dejado la población del rebaño, por diferentes motivos, teniendo en cuenta las variables que determinan la dinámica poblacional.

### **2.3. ESQUEMA DE MACHOS DE REFERENCIA**

El esquema de machos de referencia (EMR), consiste en agrupar a productores que comparten problemas similares y objetivos en común; se asocian y organizan para utilizar los mismos reproductores en el apareamiento de una proporción de hembras de cada uno de sus rebaños (Jurado *et al.*, 2006). Básicamente, esto se traduce en la utilización compartida de ciertos sementales, formándose una estructura que acelera la tasa de incremento genético, para metas en común de los diferentes rebaños de los criadores; estos vínculos genéticos son creadas a través del uso de los sementales, ya sea por inseminación artificial o monta natural (Lewis y Simm, 2000; Simm *et al.*, 2001).

Como se indica la finalidad de usar machos de referencia, es fundamentalmente establecer vínculos genéticos, entre dos o más poblaciones, dentro de una misma especie (Hanocq *et al.*, 1999). Dichos vínculos son indispensables para hacer la estimación de los valores genéticos de los animales de un rebaño y hacer comparaciones con los de otro rebaño (Lewis y Simm, 2000). Este esquema mejora la precisión y disminuye el sesgo en la estimación del mérito genético por las diferencias de medias entre rebaños, la reducción de dicho riesgo es mayor cuando incrementa el grado del vínculo genético (Kuehn *et al.*, 2007).

El grado del vínculo genético que poseen dos o más rebaños, es un valor que va de 0 a 100 por ciento, consecuencia de la proporción del genes comunes entre los reproductores machos en utilizados en los diferentes rebaños, es decir la existencia de animales emparentados (Jurado *et al.*, 2006; Kuehn *et al.*, 2007). La mejor forma y la más rápida de generar niveles más altos de vínculo genético, es aparear una proporción del rebaño con un solo reproductor macho que haya sido usado ampliamente en otros rebaños, tal como sucede en especies que cuentan con amplio desarrollo de tecnologías reproductivas (Magaña *et al.*, 2012), que no es el caso de la alpaca.

Asimismo, establecer vínculos genéticos adecuados entre rebaños, hace posible la comparación de animales sujetos a diferentes ambientes, así como identificar diferencias debidas a causas genéticas. La predicción de los valores genéticos por modelos mixtos BLUP (Mejor Predictor Lineal Inssegado, en español), que contienen efectos fijos y aleatorios, con el Modelo Animal son las herramientas más confiables para elegir reproductores, y el grado de vínculo genético es un factor que incide en su calidad (Magaña *et al.*, 2012).

### **2.3.1. Esquema de macho referencia para la estimación del mérito genético**

La mayoría de los criadores reconocen que el rendimiento del animal es función de su mérito genético, el manejo y la alimentación; sin embargo, sólo los efectos genéticos serán transmitidos a la siguiente generación (Simm *et al.*, 2001). El problema resalta cuando se desea elegir reproductores, para generar progenies en las siguientes generaciones; ya que animales de bajo mérito genético, para aspectos de rendimiento pueden verse mejor de lo que realmente son, como resultado de una buena alimentación o manejo; y, de manera similar un animal de alto mérito genético puede parecer peor de lo que es como resultado de una mala alimentación o mal manejo. Por lo tanto, el desafío

del productor y especialista en genética es el de desintegrar los efectos genéticos y no genéticos que influyen sobre el rendimiento, e identificar los animales con méritos genéticos más altos al promedio poblacional, para lo cual se usa la metodología BLUP con el Modelo Animal (Lewis y Simm, 2000; Simm *et al.*, 2001).

En poblaciones aleatorias, e idénticamente distribuidas, predecir el valor genético no requiere de vínculo genético, y esto no causa predicciones sesgadas (Fries y Roso, 1997). Sin embargo, este atributo difícilmente se encuentra en poblaciones reales, sujetas a fuerzas como la selección o deriva génica que influyen en las medias genéticas de los grupos de comparación (Kuehn *et al.*, 2007).

La comparación de animales de diferentes rebaños depende de la cantidad de información a través del número de prole por rebaño, que es a su vez función de la calidad del diseño que considera la proporción de proles de los machos de referencia dentro de un rebaño y la heredabilidad del carácter (Tarrés *et al.*, 2010).

El EMR establece vínculos genéticos entre rebaños, que conlleva a que compartan genes que expresan el carácter de interés (Jurado *et al.*, 2006). El modelo animal disminuye el sesgo para la comparación de animales de diferentes rebaños, debido a los grupos contemporáneos que son incluidos en los efectos fijos ya sea rebaño, rebaño-año, rebaño-año-época, el sexo, entre otros. Un grupo contemporáneo, es un conjunto de animales que han experimentado un ambiente o efecto no genético similar, respecto a la expresión de un carácter (Estrada *et al.*, 2008).

### **2.3.2. Funcionamiento del esquema de machos de referencia**

La operación del EMR usualmente considera los siguientes pasos: 1) selección de un grupo de machos de referencia por los criadores de los rebaños participantes; 2) uso de los machos seleccionados del núcleo, para el empadre natural o inseminación artificial de un grupo de hembras, de dos o más rebaños en un periodo definido; 3) proceso de registrar la performance de la prole para las características apropiadas, a través de los esquemas; 4) evaluación de la performance registrada por el intercambio de machos entre rebaños miembros; y, 5) uso de estos resultados para la selección de la siguiente generación (Simm *et al.*, 2001).

### 2.3.3. El grado de vínculo genético

Si los grupos contemporáneos (GC) no tienen un vínculo genético de manera apropiada, existe el riesgo de cuantificar las diferencias genéticas entre los GC como diferencias ambientales (Kuehn *et al.*, 2007; Mañaga *et al.*, 2012); en consecuencia, la calidad de las evaluaciones genéticas depende de numerosos factores, especialmente de la estructura de los datos (Hanocq *et al.*, 1999). El grado de vínculo genético se puede estimar por métodos cualitativos y cuantitativos. Los métodos cualitativos solo permiten identificar a los grupos vinculados y no vinculados; mientras que los cuantitativos determinan el grado de vínculo genético, a través de una matriz de diseño y matrices de covarianzas entre grupos contemporáneos que puede afectar las evaluaciones genéticas (Carneiro *et al.*, 2001), algunos de los cuales se muestran a continuación:

a. Coeficiente de determinación (CD)

Laloë (1993), propone este método para evaluar si los animales de diferentes ambientes pueden ser comparados mediante, la medida de precisión de las diferencias del valor genético entre el  $i$  animal con el  $j$  animal o para los casos de GC. Analizó datos simulados en vacunos mediante inseminación artificial con 12 machos de referencia en cinco años y diferente heredabilidad, llegando a proponer las siguientes formulas permite comparar animales de diferentes rebaños:

$$CD(x_{ij}) = 1 - \frac{\text{Var}(\hat{a}_i - \hat{a}_j)}{\text{Var}(a_i - a_j)} = 1 - \lambda \frac{C_{ii}^{zz} + C_{jj}^{zz} - 2C_{ij}^{zz}}{A_{ii} + A_{jj} - 2A_{ij}}$$

Donde  $x_{ij}$ , es el contraste entre el animal  $i$  y el  $j$ ,  $\lambda = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_a^2}$ ,  $A_{ii}$ ,  $A_{jj}$ ,  $A_{ij}$  son los elementos de la matriz de relaciones genéticas aditivas y los elementos de la inversa de la matriz de coeficientes de las ecuaciones de modelos mixtos ( $C_{ii}^{zz}$ ,  $C_{jj}^{zz}$  y  $C_{ij}^{zz}$ ). Además fue propuesto en forma matricial, donde el  $x$  es el vector cuyos elementos suman cero y  $C^{zz} = (Z'MZ + \lambda A^{-1})^{-1} \sigma_e^2$ ,  $M = I - X(X'X)^{-1}X'$ .

$$CD(x) = \frac{x'(A - \lambda C^{zz})x}{x'Ax}$$

b. Correlación entre las varianzas de los errores de predicción de varianza genética

Lewis *et al.* (1999) propusieron este método, tomando en cuenta que la covarianza del error de predicción entre los valores genéticos de los animales debería ser 0 si no están vinculados. Donde  $\hat{a}_i$  de la siguiente formula, es el valor genético predicho para el *i*-ésimo animal y  $\hat{a}_j$ , el correspondiente al *j*-ésimo animal

$$r_{ij} = \frac{\text{Cov}(\hat{a}_i, \hat{a}_j)}{\sqrt{\text{Var}(\hat{a}_i)\text{Var}(\hat{a}_j)}}$$

Por su parte Magaña *et al.* (2012), utilizaron este método para estimar el cambio de vínculo genético en siete escenarios de genealogía simulados para vacunos en tres GC, obteniendo grados de vínculo de 18.40 por ciento y detectando también vínculos genéticos indirectas en 2 escenarios.

c. El número total de lazos genéticos directos entre grupos contemporáneos (LGD).

Fue propuesto por Fries y Roso (1997), para medir el grado de vínculo genético entre grupos contemporáneos, a través de lazos genéticos directos, debido a los machos de referencia y hembras comunes. Primero, se calcula el número de lazos genéticos directos (LG) entre GC debido a los machos comunes ( $LG_{\sigma}$ ) y hembras ( $LG_{\varphi}$ ) comunes; luego, para cada GC, se calcula el total de lazos genéticos (LGT) con los demás CG; segundo, el GC con mayor valor es llamado grupo principal, por lo tanto los machos de referencia y hembras con progenie que estén en este grupo forman el núcleo inicial vinculado; tercero, todos los lazos genéticos de los GC se ponen en cero y son analizados recurrentemente contando los  $LG_{\sigma}$  y  $LG_{\varphi}$  generados por el núcleo inicial vinculado; luego, después de todas las corridas, los GC con LGT mayores a 9 y por lo menos 3 progenitores (machos de referencia o hembras), son considerados vinculados con el GC principal. Finalmente los GC desvinculados se ponen en cero, hasta que el número de GC sea igual al de la corrida previa (Roso *et al.*, 2004).

Los GC que no están vinculados con el grupo principal, podrían estarlo indirectamente con otros grupos; y, consecuentemente a esto, podrían conseguir alta precisión de comparación de valor genético estimado entre ellos. Por esta razón, es inadecuado indicar el grado de vínculo genético entre pares de GC. También es inadecuado estimarlo con la media aritmética, ya que un par de GC, con igual media aritmética, podrían tener un alto

grado de vínculo genético. Roso *et al.* (2004) usó la media armónica (H) para evitar sobreestimaciones.

$$H = \text{LGT} \left( \frac{2}{\left[ \left( \frac{1}{\text{LGT}_i} \right) + \left( \frac{1}{\text{LGT}_j} \right) \right]} \right)$$

Magaña *et al.* (2012), evaluaron cuatro métodos para estimar el grado de vínculo genético entre GC, con datos simulados para siete escenarios en la producción de bovinos de carne; llegando a la conclusión que el mejor método fue LGD, por la capacidad de identificar GC desvinculados y vinculados, directa e indirectamente; además, está altamente correlacionado con la varianza del error de predicción de las diferencias en valor genético entre animales.

### III. MATERIALES Y MÉTODOS

#### 3.1. LOCALIZACIÓN

El estudio evaluó 6 rebaños: Cooperativa Comunal de San Pedro de Racco (R<sub>1</sub>), Empresa Ganadería y Comercio del Centro SRL. (R<sub>2</sub>), Granja Comunal de Huayllay (R<sub>3</sub>), Cooperativa Comunal Yurajhuanca (R<sub>4</sub>), Asociación de Ganaderos Sanjo (R<sub>5</sub>) y Asociación de Ganaderos Cachipampa (R<sub>6</sub>), ubicados en diferentes localidades de las provincias de Pasco y Daniel Alcides Carrión en la región de Pasco (Figura 4), a una altitud entre 4000 y 5000 msnm. Se utilizó información proveniente de registros de alpacas huacaya, correspondientes al periodo 2016 con un total de 7,038 hembras y 1815 machos, de acuerdo al inventario y planilla al mes de octubre. Los rebaños evaluados forman parte del proyecto “Mejorando los sistemas de producción de alpacas y pastizales en la sierra central del Perú”, ejecutado por la Universidad Nacional Agraria la Molina (UNALM) en cooperación con el concejo de universidades flamencas (VLIR) desde el año 2011.



Figura 4: Ubicación geográfica del área de estudio.



### **3.2. DESCRIPCION DE LA ESTRUCTURA GENETICA DE LOS REBAÑOS**

Los rebaños ( $R_i$ ) integrantes del núcleo se describieron por su estructura organizacional, la estratificación de alpacas en los rebaños y su flujo de animales entre plantel y majada, y entre rebaños. Se hicieron tres visitas a cada rebaño, para realizar las diferentes actividades, como entrevistar al encargado del rebaño y observar el manejo del sistema de crianza. Se estableció un directorio con representantes del proyecto VLIR y los representantes directivos de los rebaños. Finalmente, para recopilar las planillas de las alpacas (registros mensuales de todo el rebaño), se requirió la participación permanente de un técnico del proyecto VLIR, que viene trabajando por varios años con cada rebaño miembro.

#### **3.2.1. Estructura organizacional de los rebaños**

En esta etapa, se realizó la descripción organizacional de las organizaciones propietarias de los rebaños, aspecto imprescindible para el manejo y participación sostenible de la estructura genética. Los criterios considerados para esto se detallan en la Tabla 3; derivados de los estudios de Barrantes (2012) en alpacas y de Ruiz *et al.* (2015), realizados en alpacas de la región Pasco.

**Tabla 3: Criterios para la calificación organizacional de las organizaciones  
propietarias de los rebaños evaluados en la región Pasco**

Criterios	Descripción	Calificación
Capacidad organizacional	Asistencia a reuniones, participación activa, planificación de todas las actividades y cumplimiento de las mismas.	Muy buena
	Asistencia a reuniones, planifican algunas actividades	Buena
	Asistencia a algunas reuniones, no planifican	Regular
	No planifican actividades tampoco asisten a reuniones convocadas.	Mala
Toma de decisiones	Las decisiones toma el administrador pecuario	Buena
	Las decisiones son tomadas por asamblea	Regular
Recursos económicos	Disponibilidad de recursos para inversión en la producción	Bueno
	No disponen de recursos para inversión en la producción	Bajos
Poder adquisitivo	Facilidad para la adquisición de materiales necesarios.	Bueno
	Demora para la adquisición de materiales necesarios.	Bajos
Infraestructura	Poseen cercos de clausura, playa de esquila, manga, cercos de empadre	Bueno
	Poseen cercos de clausura, playa de esquila, cercos de empadre	Regular
	Poseen cercos de clausura, poseen área adecuado para esquila	Mala
Manejo en actividades (Esquila, destete, manejo de registros.)	Las actividades son realizadas por el administrador y operarios concedores de la producción	Muy bueno
	Actividades son realizadas por la junta directiva y rara vez por el administrador	Regular
	Junta directiva	Mala

FUENTE: Proyecto VLIR

### 3.2.2. Estratos de los rebaños

#### a. Plantel.

Se realizó el inventario de los animales del plantel de cada rebaño, luego se realizó la esquila y colección de muestras de fibra con el fin de caracterizar del plantel. En cada uno de los planteles ( $P_i$ ) se procedió a registrar el código de arete de la oreja derecha de cada alpaca (Anexo I). Fue una actividad que comenzó con el traslado de los animales hacia un lugar con cerco de malla ganadera y manga; luego realizó el conteo de machos y hembras.

La sujeción de cada animal fue realizada por 2 asistentes; mientras tanto, la revisión y clasificación de las alpacas las realizó el asistente técnico del proyecto, con la colaboración del administrador de cada unidad de producción. De esta actividad, se registraron el código de arete, la edad según cronometría dentaria, el sexo, la condición corporal y luego se asignó a la clase correspondiente. La cronometría dentaria consideró el siguiente criterio:

- Diente de leche (DL), alpacas menores de 1.5 años;
- Dos dientes (2D), alpacas entre los 2 a 3 años;
- Cuatro dientes (4D), alpacas entre los 3 a 4 años;
- Boca llena (BLL), alpacas mayores de 4 años.

Por otro lado, la estratificación de los rebaños, se realizó por evaluación visual, asignando las alpacas a cada una de las siguientes cinco clases (S, A, B, C y R); tarea que se desarrolló aplicando criterios de estratificación según los objetivos de mejoramiento genético, que se muestran en la Tabla 4; los animales mayores a 6 años y que manifiestan un ligero engrosamiento en el diámetro de fibra, fueron registrados como RV (rechazo por vejez) y no considerados en la población del plantel, conforme se detalla en el Anexo III.

- Clase Súper (S): Libres de defectos congénitos, poseen excelente conformación y uniformidad de rizos en los puntos de visualización paleta, costillar medio y muslo, densa, excelente finura, sin canas, color blanco entero;

- Clase A: Libre de defecto congénito, poseen buena conformación pero menor que la clase S, buena uniformidad en los puntos de visualización paleta, costillar medio y muslo, buena densidad, buena finura, sin canas, color blanco entero;
- Clase B: Libre de defectos congénitos, tienen una conformación regular menor que la A, menor densidad, son de color blanco entero, poseen canas casi invisibles, uniformidad del vellón, rizos y diámetro de fibra menos uniformes;
- Clase C: Libre de defectos congénitos, color blanco entero, mayor diámetro de fibra que las clases anteriores, menor densidad al tacto, en caso de hembras son colocadas en el estrato de núcleo pero en caso de machos son llevados a la majada.
- Clase R: Animales de rechazo, con defectos congénitos, vellón manchado, mala conformación, fibra demasiado grueso y canosos;
- Clase RV: Animales de rechazo por edad.

**Tabla 4: Criterios para estratificación poblacional**

Clase	Finura	Rizo	Densidad al tacto	Uniformidad	Conformación
S	Finas	Alto/uniforme	Buena	Buena	Buena
A	Finas	Alto	Buena	Buena	Buena
B	Finas	Media/ uniforme	Media	Regular	Buena
C	Media	Media/ uniforme	Media	Mala	Buena
R	Gruesa	Baja /desuniforme	Mala	Mala	Mala
RV	Media - Gruesa	Baja /desuniforme	Buena - alta	Buena – mala	Buena – mala

FUENTE: Proyecto VLIR

También se realizó la caracterización de los objetivos de mejoramiento, identificados en la implementación del proyecto VLIR, los cuales son: peso de vellón sucio (PVS) y diámetro de fibra (DF). Para realizar la esquila ambos estratos del rebaño fueron trasladados a las instalaciones o playa de esquila, de acuerdo al manejo de cada unidad

de producción. Las puntas de machos y hembras del núcleo fueron esquilados separados de la majada.

- **Peso de vellón**

Una vez medida la longitud de mecha, igual o mayor a 7 cm al medir con una regla de 30 cm colectándola perpendicularmente en la zona costillar medio, se procedió a la esquila de los animales. Al finalizar esta, se pesó el vellón (braga y vellón propiamente dicho) utilizando una manta y una balanza digital de 100 kg de capacidad y una sensibilidad de 5 g., dato que se registró asociado al código del animal.

- **Diámetro de fibra**

Para el análisis del diámetro de fibra se tomó 100 g de muestra del costillar medio antes de la esquila, que fue empaquetado en una bolsa de polietileno identificado con el código del animal. Las muestras fueron evaluadas en el Laboratorio de Análisis de Fibras Textiles de la Universidad Nacional Agraria la Molina.

Previamente, a la medición, se realizó el lavado de las muestras de fibra a través de 3 fases: la primera, con agua caliente a una temperatura de 55°C por un minuto; luego, con detergente industrial (TINOVETINA) en dosis 2 ml/litro de agua a 55°C; seguidamente, fueron lavadas en una solución de jabón BP-NID, en dosis 2 ml/litro de agua a 55°C; finalmente, se enjuagaron con agua fría y fueron exprimidas para dejarlas secar a temperatura del ambiente por un aproximado de 12 horas.

Para el secado uniforme las muestras se llevaron a la estufa a 105°C durante 2 horas; luego, fueron cardadas con la finalidad de dar direccionamiento a la fibra y permitir realizar un corte de 2mm, con una pinza. Luego, se introdujo al Analizador de Fibra Sirolan – LaserScan, para su medición siguiendo las especificaciones de la norma IWTO 52-06-2012.

Para la presentación de datos se elaboró una estadística descriptiva, con el uso del Software SAS; mientras, tanto para ordenar los registros de población en los estratos de cada rebaño, se empleó el programa Excel.

b. Majada.

La descripción de la majada ( $M_i$ ) se realizó sobre la población de alpacas existentes en cada rebaño. Para determinar el número de reproductores hembras y machos presentes en este estrato se usó el formato de Planilla Mensual del Rebaño (Anexo II), descontando a este la cantidad de animales existentes en el plantel (según inventario), también con la ayuda del programa Excel.

$$PM = \text{Poblacion total de rebaño} - \text{poblacion del plantel}$$

### 3.2.3. Flujo de animales en la estructura genética de los rebaños

El flujo de animales del plantel hacia la majada, o viceversa, entre estratos dentro de los rebaños ( $FG_E$ ) y entre rebaños ( $FG_{PP}$ ), se calculó sumando las alpacas machos y hembras durante el año 2016 (Anexo V). Las siguientes formulas fueron usadas para calcular el porcentaje de flujo de animales en relación al plantel;

- Flujo de alpacas hembras de la majada hacia el plantel, en porcentaje

$$\%FG_{EhMP} = \frac{\sum \text{Hembras de majada a plantel}}{\sum \text{hembras del plantel}} \times 100;$$

- Flujo de alpacas machos de la majada hacia el plantel, en porcentaje

$$\%FG_{EmMP} = \frac{\sum \text{machos de majada a plantel}}{\sum \text{machos de plantel}} \times 100;$$

- Flujo de alpacas machos del plantel hacia la majada, en porcentaje

$$\%FG_{EmPM} = \frac{\sum \text{machos de plantel a majada}}{\sum \text{machos de plantel}} \times 100;$$

- Entre rebaños (plantel  $i$  hacia el plantel  $j$ ), en porcentaje

$$\%FG_{PP} = \frac{\sum \text{machos de rebaño a rebaño}}{\sum \text{machos del nucleo}} \times 100$$

### 3.3. CÁLCULO DEL TAMAÑO DE NÚCLEO

El tamaño del núcleo representa la suma de alpacas existentes en los seis planteles; este fue calculado considerando la cantidad de hembras en la majada, obtenidos durante la descripción de la estructura poblacional; así mismo, se estimó el escalamiento para conseguir el número de machos necesarios a reemplazar en la majada para las subsiguientes campañas (Figura 5).

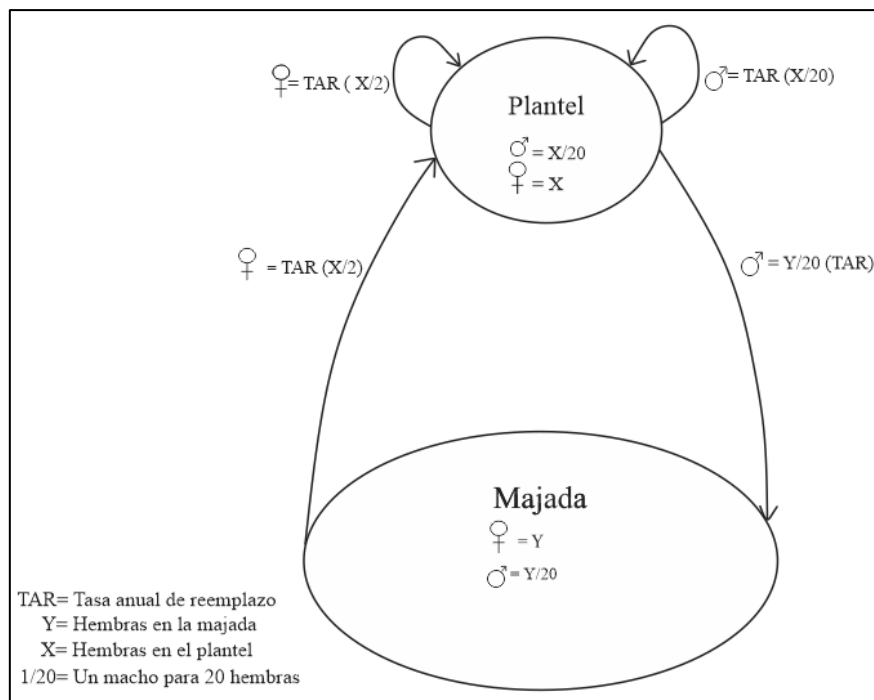
Los parámetros productivos de referencia que se usaron fueron: porcentaje de natalidad bruta (TN) de 52 por ciento para R<sub>1</sub>, R<sub>2</sub>, R<sub>3</sub> y R<sub>4</sub> y de 37 por ciento en R<sub>5</sub> y R<sub>6</sub>; y, mortalidad (M<sub>0</sub>) de 5 por ciento ambos datos obtenidos por Ruiz *et al.* (2015). Mientras que a la tasa anual de reemplazo (TAR) se le asignó un valor de 37 por ciento en hembras y 44 por ciento en machos, estimadas mediante la metodología planteada por Gonzales *et al.* (2002).

$$TAR = \frac{\left[ (IEP \times EPP) \left(1 + \frac{M_0C}{100}\right) \left(1 + \frac{M_0A}{100}\right) \right]}{ED \times 365}$$

Donde:

- IEP: Es intervalo entre partos, se consideró 365 como promedio porque se supone que todas las alpacas del rebaño alcanzan a parir al menos una vez al año, lo cual daría el mayor número de crías.
- EPP: Edad al primer parto, en machos se consideró 3 años y hembras 2 años para el caso de los rebaños R<sub>1</sub>, R<sub>2</sub>, R<sub>3</sub> y R<sub>4</sub>, sin embargo para las hembras en el R<sub>5</sub> y R<sub>6</sub> se consideró los 3 años.
- M<sub>0</sub>C y M<sub>0</sub>A: Mortalidad de crías y mortalidad de adultos, según a estudios anteriores en la zona se consideró 5 por ciento.
- ED: Edad al descarte según el sistema de manejo en los rebaños R<sub>1</sub>, R<sub>2</sub>, R<sub>3</sub> y R<sub>4</sub> se consideró a los 10 años en machos y 8 años en hembras; mientras que en los rebaños R<sub>5</sub> y R<sub>6</sub> para el caso de las hembras se consideró a los 9 años ya que iniciaron su vida reproductiva a mayor edad.
- TAR: Tasa anual de reemplazo o tasa de reposición, fue calculada usando las variables antes mencionadas que determinan la dinámica poblacional del rebaño.

La importancia de calcular el número de madres en el plantel, conduce a satisfacer las necesidades de reemplazo de reproductores machos en la majada, número de reproductores machos y el 50 por ciento de reproductoras hembras de reemplazo en el plantel, mientras que el otro 50 por ciento de las hembras de reemplazo en el plantel fueron aportados por la majada, según la característica de la estructura genética de núcleo abierto (Figura 4). En consecuencia, el porcentaje total de crías seleccionadas para reemplazo fue de 70 a 90 por ciento de alpacas adultas obtenidas en una generación, el esquema permitió calcular el número de alpacas hembras y machos reproductores para el plantel (Anexo IV y V).



**Figura 5: Estructura del flujo de animales en un rebaño**

FUENTE: Planteado por equipo del proyecto VLIR

El cálculo del número de reproductoras hembras en el plantel (X) (Figura 5), se realizó en base al número de hembras en la majada (Y) continuando los siguientes pasos:

- Paso 1: Y es un valor conocido que indica el número de hembras en la majada, por lo tanto el número de machos en este estrato mantiene una relación de 1/20 hembras. Los machos mejorados de la majada son provenientes del plantel y se calcula por:

$$\text{Machos}_{P-M} = \frac{Y}{20} \times \text{TAR}_{\sigma}$$



- Paso 2: El valor de X en cada rebaño se halló por la suma del número de animales ♀ y ♂ de reemplazo provenientes propios de sí mismo y de la majada, más el reemplazo de machos en la majada por la proporción de selección PS (70 – 90 por ciento), TN y Mo.

$$X = \left[ \text{TAR}_{\varphi} \left( \frac{X}{2} \right) + \text{TAR}_{\sigma} \left( \frac{X}{20} \right) + \text{Machos}_{\text{P-M}} \right] \times (\text{PS} \times \text{TN} \times \text{Mo})$$

- Paso 3: Se despejó la formula anterior para reemplazar los datos y obtener el valor de X, este cálculo se realizó con el uso del Excel.

$$X_P = \frac{20 \times \text{TAR}_{\sigma} \left( \frac{Y}{20} \right)}{\text{PS} \times \text{TN} \times \text{Mo} \times 20 - \text{TAR}_{\varphi} - \text{TAR}_{\sigma}}$$

- Paso 4: El número total de hembras en el núcleo, se obtuvo de la suma de X calculados de los seis rebaños, se reemplazó a la fórmula de reemplazo de animales ♀ y ♂, y se obtuvo la cantidad de animales requeridos para el tamaño de majada.

### **3.4. SIMULACIÓN DE ESQUEMAS DE REPRODUCTOR MACHOS DE REFERENCIA**

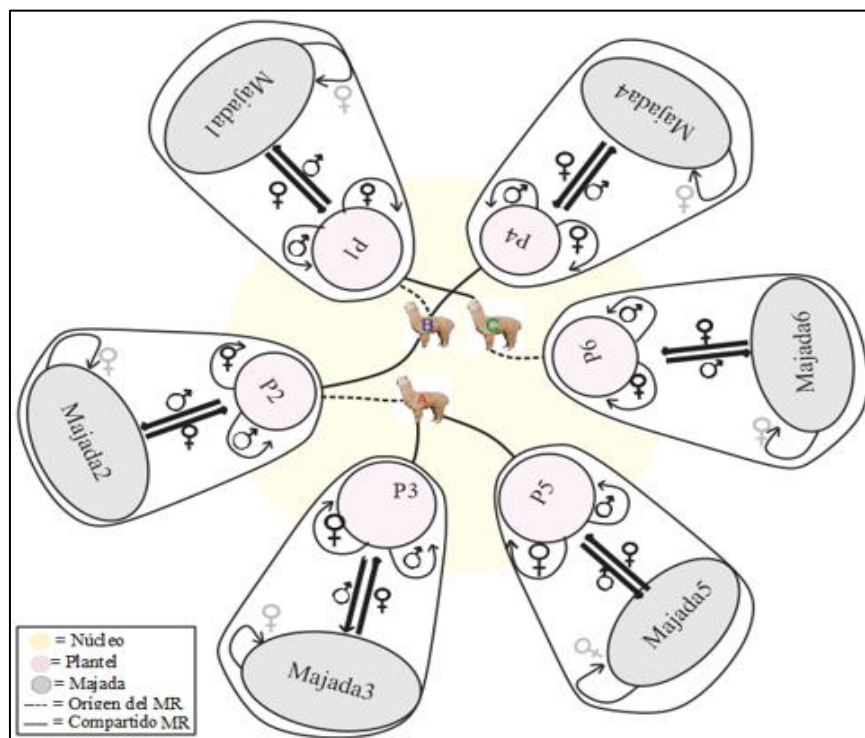
#### **3.4.1. Simulación de genealogía para los esquemas de machos de referencia**

Los escenarios de EMR, fueron planteados considerando que el macho de referencia es aquel animal que fue utilizado para aparear a un grupo de alpacas, en dos o más rebaños en una misma campaña de empadre. El reproductor macho de referencia, reúne las condiciones en merito genético para los objetivos de mejoramiento de los distintos rebaños que lo utilizan, además de ser probado en caracteres reproductivos. Aunque se desea que el macho de referencia sea de buena calidad genética, este requisito no fue indispensable en la simulación, ya que la finalidad es obtener el grado de vínculo genético creada. Las Figuras 6, 7 y 8 representan detalladamente los escenarios de EMR, planteados de manera tal, que los rebaños estén vinculadas genéticamente, al menos por un camino.

- Primer escenario de tres machos de referencia (3MR) que empadran al 10 por ciento de hembras reproductoras, los reproductores machos de referencia fueron elegidos al azar, en la figura 6, se muestra los machos A, B y C; y los caminos de vínculo genético, las líneas discontinua señalan que el macho pertenece a rebaño

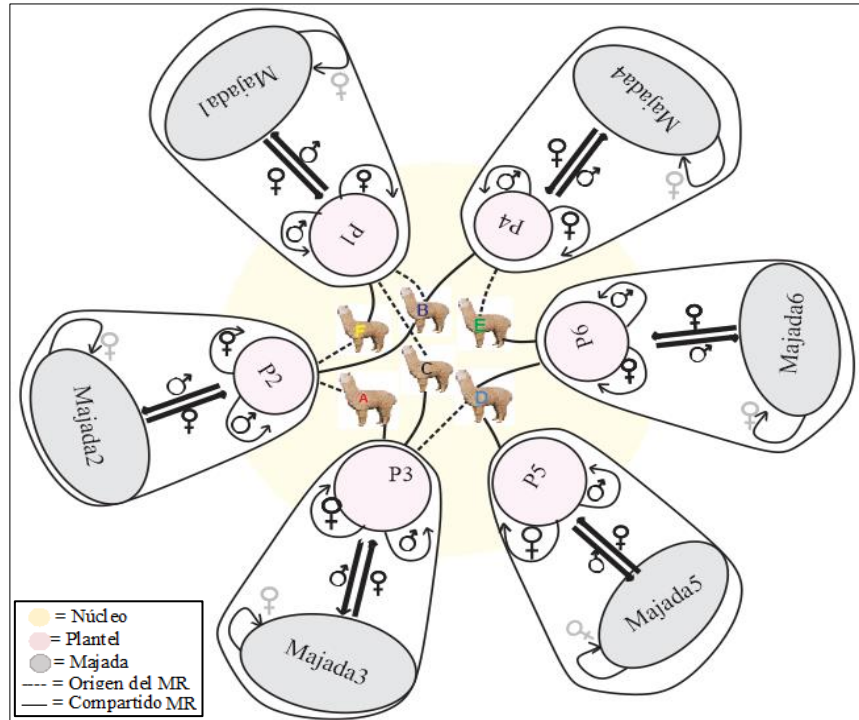
en el que también deja crías; las líneas continuas señalan que el macho está siendo compartido por esos rebaños en el que también dejo crías;

- Segundo escenario (6MR) que empadran al 20 por ciento de reproductoras, en este, se usó seis machos de referencia con códigos y proveniencias: A y F de P<sub>2</sub>, C y B de P<sub>1</sub>, D de P<sub>3</sub> y E de P<sub>4</sub> (Figura 7);
- Tercer escenario (9MR) que empadran al 30 por ciento de reproductoras, similar sistema a los anteriores, se usó nueve machos de referencia de códigos y proveniencias: A y F de P<sub>2</sub>, C y B de P<sub>1</sub>, D y G de P<sub>4</sub>, E y H de P<sub>3</sub> y J de P<sub>5</sub> (Figura 8).



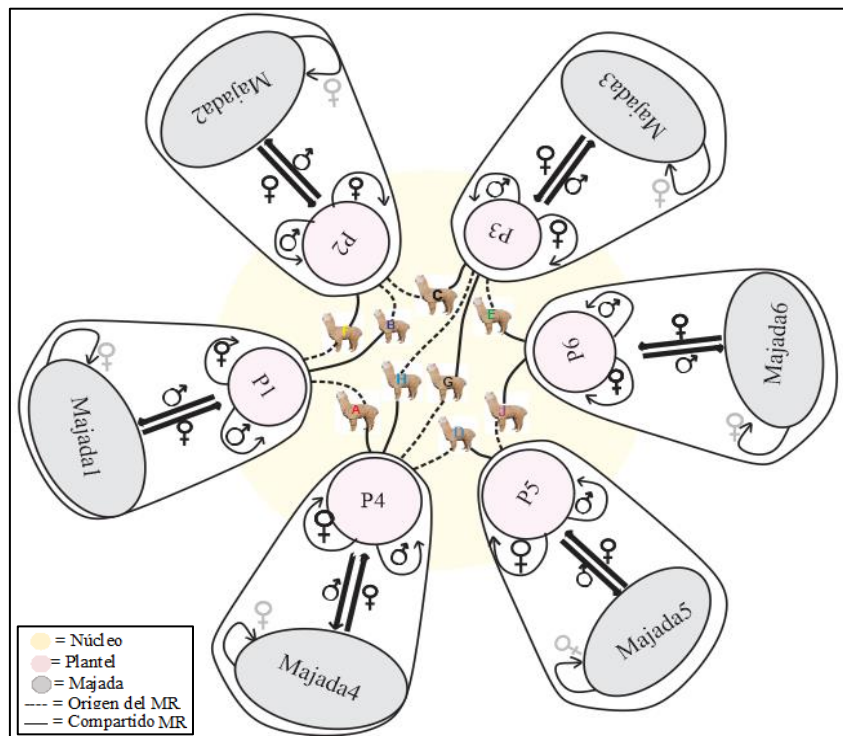
**Figura 6: Esquema con tres reproductores machos de referencia**

FUENTE: Planteado por equipo del proyecto VLIR



**Figura 7: Esquema con seis reproductores machos de referencia**

FUENTE: Planteado por equipo del proyecto VLIR



**Figura 8: Esquema con nueve reproductores machos de referencia**

FUENTE: Planteado por equipo del proyecto VLIR

Los escenarios de EMR difieren en cantidad de machos de uso en común, el número de hembras que fueron empadradas por estos machos (total de las hembras son 20 por cada macho), y el número de progenies efectivos en cada rebaño por macho (Tabla 6 y 7).

La simulación estocástica, se realizó utilizando el lenguaje computacional FORTRAN F95 (Anexo VI), en el cual se generó datos de genealogía y producción para la primera esquila por escenarios de EMR, planteles ( $P_1, P_2, P_3, P_4, P_5, P_6$ ) y generaciones (fundadores, 1, 2 y 3) con sus respectivos valores de medias y varianzas (Anexo VII). Los tres escenarios de EMR fueron de 3, 6 y 9 machos, los cuales empadraron al 10, 20 y 30 por ciento respectivamente de hembras del núcleo genético disperso. En la Tabla 5 y 6 se muestra la cantidad de hembras que fueron empadradas en cada escenario de EMR, se consideró para un sistema de empadre por monta natural en una relación de empadre de un macho para 20 hembras. Sin embargo la cantidad de progenies llegados a la selección por macho compartido es menor (Tabla 5), debido a los parámetros productivos y reproductivos aplicados según a la bibliografía (Figura 9). Cada periodo de empadre se utilizó el mismo número de machos de referencia, no necesariamente fue el mismo macho compartido anteriormente, estos son obtenidos de la lista de reproductores para el empadre. En la simulación al menos una progenie tuvo cría en cada rebaño.

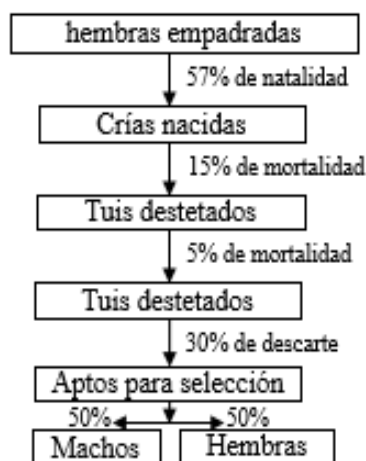
**Tabla 5: Número de hembras empadradas con reproductores machos de referencia**

Plantel	Total de hembras	3MR	6MR	9MR
$P_1$	140	14	26	30
$P_2$	110	17	27	30
$P_3$	266	6	17	40
$P_4$	134	7	26	40
$P_5$	42	6	7	30
$P_6$	55	10	17	30
Porcentaje	100%	10%	20%	30%

**Tabla 6. Número de hembras empadradas con reproductores machos referencia y sus progenies logrados para selección.**

EMR	Plantel	MR*	N° Hembras empadradas							N° Progenies efectivos							N° progenies con abuelos común							
			P <sub>1</sub>	P <sub>2</sub>	P <sub>3</sub>	P <sub>4</sub>	P <sub>5</sub>	P <sub>6</sub>	Total	P <sub>1</sub>	P <sub>2</sub>	P <sub>3</sub>	P <sub>4</sub>	P <sub>5</sub>	P <sub>6</sub>	Total	P <sub>1</sub>	P <sub>2</sub>	P <sub>3</sub>	P <sub>4</sub>	P <sub>5</sub>	P <sub>6</sub>	Total	
3 MR	P <sub>1</sub>	RM000A	7	-	-	7	6	-	20	4	-	-	3	3	-	10	2	-	-	1	1	-	4	
	P <sub>2</sub>	GM000B	7	7	6	-	-	-	20	4	3	3	-	-	-	10	1	1	1	-	-	-	3	
	P <sub>6</sub>	CM000C	-	10	-	-	-	-	10	20	-	6	-	-	-	3	9	-	2	-	-	-	1	3
	Total			14	17	6	7	6	10	60	8	9	3	3	3	3	29	3	3	1	1	1	1	10
6 MR	P <sub>1</sub>	RM000A	10	-	-	10	-	-	20	6	-	-	3	-	-	9	2	-	-	-	-	-	2	
		RM000F	10	10	-	-	-	-	20	6	6	-	-	-	-	12	1	1	-	-	-	-	2	
	P <sub>2</sub>	GM000B	6	7	7	-	-	-	20	3	3	3	-	-	-	9	1	1	1	-	-	-	3	
		GM000C	-	10	-	10	-	-	20	-	6	-	5	-	-	11	-	1	-	1	-	-	2	
	P <sub>3</sub>	HM000E	-	-	10	-	-	10	20	-	-	6	-	-	6	12	-	-	2	-	-	1	3	
	P <sub>4</sub>	YM000D	-	-	-	6	7	7	20	-	-	-	3	3	3	9	-	-	-	1	1	1	3	
Total			26	27	17	26	7	17	120	15	15	9	11	3	9	62	4	3	3	2	1	2	15	
9 MR	P <sub>1</sub>	RM000A	10	-	-	10	-	-	20	6	-	-	5	-	-	11	2	-	-	1	-	-	2	
		RM000F	10	10	-	-	-	-	20	6	6	-	-	-	-	12	1	1	-	-	-	-	2	
	P <sub>2</sub>	GM000B	10	10	-	-	-	-	20	5	5	-	-	-	-	10	2	1	-	-	-	-	3	
		GM000C	-	10	10	-	-	-	20	-	6	6	-	-	-	12	-	1	1	-	-	-	2	
	P <sub>3</sub>	HM000E	-	-	10	-	-	10	20	-	-	6	-	-	6	12	-	-	2	-	-	1	3	
		HM000H	-	-	10	10	-	-	20	-	-	6	5	-	-	11	-	-	1	1	-	-	2	
	P <sub>4</sub>	YM000D	-	-	-	10	10	-	20	-	-	-	6	4	-	10	-	-	-	2	2	-	4	
		YM000G	-	-	10	10	-	-	20	-	-	6	6	-	-	12	-	-	3	2	-	-	5	
P <sub>5</sub>	SM000J	-	-	-	-	12	8	20	-	-	-	-	6	3	9	-	-	-	-	1	1	2		
Total			30	30	40	40	20	20	180	17	17	24	22	10	9	99	5	3	7	5	3	2	25	

\*MR son los reproductores machos de referencia, se obtuvo de los diferentes rebaños en la generación fundadora. Código asignado a una alpaca ejemplo CM000A: C (Rebaño), M (Sexo), 0 (Año); 00A (número del animal, alfanumérico cuando es MR), se muestra en Anexo IX genealogía de los EMR



**Figura 9: Escalamiento para obtención de progenies**

FUENTE: Quispe, 2010

### 3.4.2. Calculo del grado de vínculo genético de los esquemas de machos de referencia

Para analizar los datos simulados, se identificó 18 grupos contemporáneos (GC), agrupados por rebaño-año en las tres generaciones (Tabla 7), el GC se definió como un grupo de alpacas que incluyen progenies de machos de uso múltiple, nacidos en un mismo año y están sujetos a la misma condición de manejo y alimentación.

**Tabla 7: Formación de grupos contemporáneos**

Grupo contemporáneo	Rebaño	Año
1	P <sub>1</sub>	A <sub>1</sub>
2	P <sub>2</sub>	A <sub>1</sub>
3	P <sub>3</sub>	A <sub>1</sub>
4	P <sub>4</sub>	A <sub>1</sub>
5	P <sub>5</sub>	A <sub>1</sub>
6	P <sub>6</sub>	A <sub>1</sub>
7	P <sub>1</sub>	A <sub>2</sub>
8	P <sub>2</sub>	A <sub>2</sub>
9	P <sub>3</sub>	A <sub>2</sub>
10	P <sub>4</sub>	A <sub>2</sub>
11	P <sub>5</sub>	A <sub>2</sub>
12	P <sub>6</sub>	A <sub>2</sub>
13	P <sub>1</sub>	A <sub>3</sub>
14	P <sub>2</sub>	A <sub>3</sub>
15	P <sub>3</sub>	A <sub>3</sub>
16	P <sub>4</sub>	A <sub>3</sub>
17	P <sub>5</sub>	A <sub>3</sub>
18	P <sub>6</sub>	A <sub>3</sub>

El cálculo del grado de vínculo genético entre los rebaños se realizó por el método de número de lazos genéticos directos totales (TLGD). Se eligió este método porque identifica los GC desvinculados, vinculados directa e indirectamente, además, depende menos del tamaño de grupos que otros métodos (Magaña *et al.*, 2012). Para el análisis del vínculo genético por el método TLGD se utilizó el software AMC – A Computer Program to Assess the Degree of Connectedness Among Contemporary Groups (Roso y Schenkel, 2006). Básicamente el criterio del AMC es calcular el número de lazos genéticos directos entre pares de GC debido a machos y hembras comunes; luego, calculó el número total de lazos genéticos entre todos los GC. Así mismo las parejas de GC que no tienen algún lazo genético directo pueden estar vinculados indirectamente a través de otros GC. Se computó para una evaluación de genealogía con modelo animal.

## IV. RESULTADOS Y DISCUSIONES

### 4.1. ESTRUCTURA GENÉTICA

#### 4.1.1. Estructura organizacional de los rebaños

Los rebaños fueron analizados en función a criterios organizacionales. En vista que cada rebaño posee su propio enfoque de organización, manejo y administración; su nivel de organización permitirá que el programa de mejoramiento genético alcance la sostenibilidad necesaria para establecer la estructura por núcleo disperso.

Las calificaciones por los diferentes criterios se presentan en la Tabla 8, donde se muestra a los integrantes de la estructura genética según a la persona jurídica al que correspondan. A partir de la tabla de calificación, se observa que en la mayoría de los aspectos se mostró superior en la empresa individual, seguido de las cooperativas comunales.

**Tabla 8: Características organizacionales de los rebaños evaluados en la región Pasco**

Criterios	Cooperativas Comunales (R <sub>1</sub> y R <sub>4</sub> )	Granjas Comunales (R <sub>3</sub> )	Asociaciones Comunales (R <sub>5</sub> y R <sub>6</sub> )	Empresas individuales (R <sub>2</sub> )
Capacidad organizacional	Bueno	Regular	Regular	Muy bueno
Toma de decisiones	Bueno	Regular	Regular	Bueno
Recursos económicos	Bueno	Bueno	Bajo	Bueno
Poder adquisitivo	Alto	Regular	Bajo	Alto
Infraestructura	Bueno	Regular	Mala	Bueno
Manejo (alimentación, esquila, sanidad y empadre)	Muy bueno	Bueno	Regular	Muy bueno



Además se resalta los criterios más importantes para la planificación de la estructura genética en los programas de mejoramiento genético. Estos son, la capacidad organizacional y el manejo de la crianza, ya que en todos los rebaños fueron calificadas de regular a muy buena. Haile *et al.* (2011) señala que el éxito de las estructuras genéticas planteadas para pequeños rumiantes es la participación activa de todos los involucrados. Por su parte Mueller (2017), menciona que los programas de mejoramiento genéticos en pequeños rumiantes deben basarse en la organización de los productores e instituciones por tener participación clave para su sostenibilidad en sistemas extensivos y semi-intensivos. La adecuada organización y planificación de actividades de los productores permite el mejor control en el manejo, sobre todo en el apareamiento de los animales del plantel (Gizaw *et al.*, 2014c).

El manejo interno de los rebaños difiere entre ellos, debido a la posesión de recursos. La alimentación, se basa en pastos naturales de baja calidad son hallados en los R<sub>5</sub> y R<sub>6</sub>, por lo tanto las actividades de la reproducción de machos y hembras, que es caracterizado por un empadre natural controlado, lo realizan a los dos años de edad, mientras tanto los demás rebaños (R<sub>1</sub>, R<sub>2</sub>, R<sub>3</sub> y R<sub>4</sub>) inician el periodo de reproducción de las hembras al año de edad, debido a que consideran el peso como indicador para la reproducción (33 kg), mientras que en machos es la liberación de la adherencia pene prepucio. La alimentación dentro de cada rebaño difiere por estratos, básicamente es que el núcleo recibe mejor calidad de pastos naturales conservados en cercos ganaderos. En un estudio de la vegetación en la zona alto andina de la región Pasco se menciona que estos son típicos de las praderas de alta montaña. Además la composición vegetal de los centros de producción está constituida por pajonales o ichus como son: Festuca, Calamagrostis y Stipa, por césped de puna: Azorella, Liabum, Nototriche, Opuntia, y por bofedales constituidos por Distichia, Luzula, Carex, Alchemilla (Flores *et al.*, 2004).

#### **4.1.2. Los planteles**

La estructura genético por núcleo disperso está conformado por rebaños individuales, que posee una estructura genética interna propia. Cada rebaño está conformada por dos estratos; es decir, se encontró un estrato plantel, con animales de calidad superior y otra denominada majada, con animales de baja calidad, estratificados en todos los rebaños por evaluación visual. El estrato plantel de todos los rebaños está compuesto por alpacas hembras y machos con edades de DL, 2D, 4D y BLL; que a su vez hacen el núcleo de la

estructura genético disperso. La distribución de las alpacas dentro de los planteles, por sexo y por edad, se presenta en la Tabla 9. Se observa que poseen gran proporción de hembras BLL, esto podría ser por su baja tasa de reemplazo.

**Tabla 9: Número de alpacas por plantel, clasificados por edad y sexo en los diferentes rebaños evaluados en la región Pasco**

Plantel	Hembra				Total ♀	Macho				Total ♂
	DL	2D	4D	BLL		DL	2D	4D	BLL	
P <sub>1</sub>	59	22	12	106	199	42	3	2	13	60
P <sub>2</sub>	69	42	21	130	262	4	6	-	11	21
P <sub>3</sub>	17	10	11	321	359	-	-	-	113	113
P <sub>4</sub>	9	4	8	53	74	14	7	2	34	57
P <sub>5</sub>	30	12	8	72	122	1	1	1	3	6
P <sub>6</sub>	18	5	2	41	66	3	1	-	5	9
Núcleo	202	95	62	723	1082	64	18	5	179	266

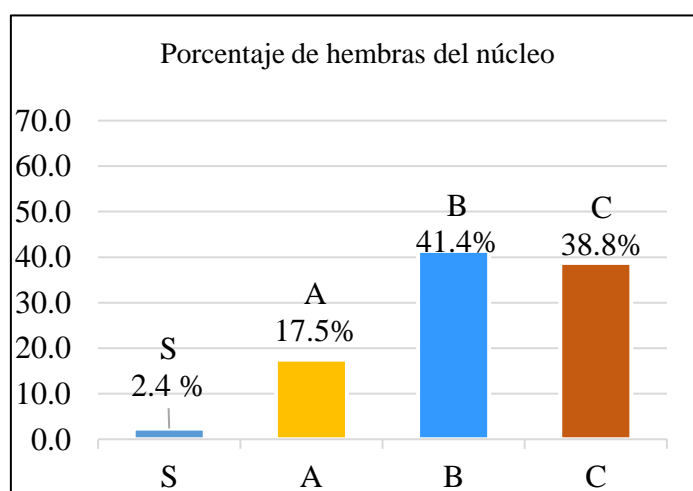
Los planteles están conformados por alpacas clasificadas, según evaluación visual, en: Clase S, Clase A, Clase B y Clase C. relacionados a la finura de fibra y peso de vellón, así como a la apariencia general del animal, tal como fue descrito a detalle en la metodología del presente.

Por otro lado, la Tabla 10 muestra el número de alpacas de los planteles al momento del inventario. Se registraron 720 hembras seleccionadas para reproducción y 120 machos, entre las clases S, A, B y C. No fueron inventariados como reproductores las alpacas de la clase R (rechazo) por no cumplir con los estándares mínimos para pertenecer al plantel y RV son alpacas que ya cumplieron su vida reproductiva. Es imprescindible resaltar que la clasificación por evaluación visual fue planteada al inicio de la estratificación hasta establecer en manejo apropiado de registros genealógicos, a pesar que Corredor (2015), mostró una coincidencia con las altas respuestas productivas de DF y PV con las clases S y A. Sin embargo, Gizaw *et al.* (2014b) mencionan la importancia de los registros para la evaluación genética, motivo por el cual se realiza la estratificación de los animales para un adecuado manejo de genealogía, permite controlar adecuadamente al estrato plantel.

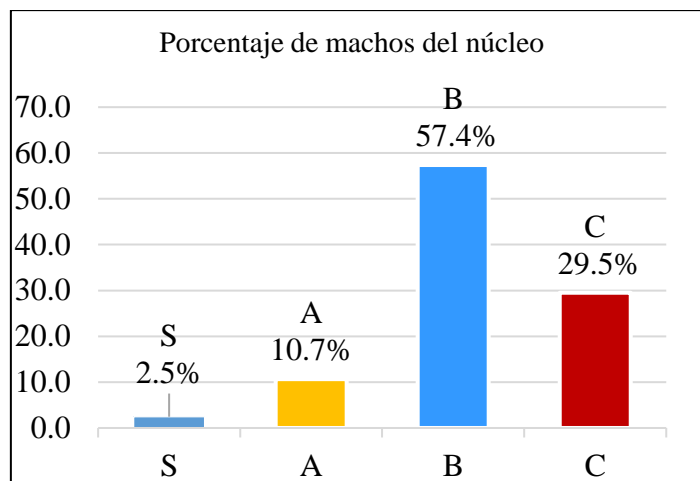
**Tabla 10: Número de alpacas por plantel, agrupados por clase y sexo en los diferentes rebaños evaluados en la región Pasco**

Plantel	Hembras						Total ♀	Machos						Total ♂
	S	A	B	C	R	RV		S	A	B	C	R	RV	
P <sub>1</sub>	3	33	61	52	21	29	199	-	1	15	13	29	2	60
P <sub>2</sub>	3	54	118	78	9	-	262	-	3	9	5	3	1	21
P <sub>3</sub>	-	11	43	56	179	70	359	-	-	13	7	11	82	113
P <sub>4</sub>	7	7	22	31	5	2	74	1	6	28	7	9	6	57
P <sub>5</sub>	3	9	33	40	32	5	122	-	2	4	-	-	-	6
P <sub>6</sub>	1	12	21	22	10	-	66	2	1	1	4	1	-	9
Núcleo	17	126	298	279	256	106	1082	3	13	70	36	53	91	266

En la Figura 10 y 11, se presentan los porcentajes de alpacas existentes en el núcleo por clase, donde el 2.4 por ciento de hembras y el 2.5 por ciento de los machos pertenecen a la clase S, el 17.5 y 10.7 por ciento de hembras y machos, respectivamente, son de la clase A. En efecto, se desea que el núcleo esté compuesto de los mejores machos y las mejores hembras porque ambos aportan la mitad de sus genes a la progenie (Mueller, 2001; Ahuya *et al.*, 2005), la finalidad del sistema de núcleos es concentrar la ganancia genética (Haile *et al.*, 2011).



**Figura 10: Porcentaje de alpacas hembras por clase en el núcleo**



**Figura 11: Cantidad de alpacas machos por clase en el núcleo**

Para la descripción del núcleo también se consideró el diámetro de la fibra (DF) y el peso de vellón sucio (PVS), en los diferentes planteles. La Tabla 11, presenta los promedios de DF y PVS de las alpacas por plantel de acuerdo al rebaño al que pertenecen. El menor promedio de DF ( $20.05\mu\text{m}$ ) se obtuvo de las alpacas del  $P_2$  seguido del  $P_1$  ( $22.95\mu\text{m}$ ); sin embargo, se puede apreciar alta variabilidad del promedio de DF entre los planteles, ya que el límite superior es de  $25.64\mu\text{m}$  del  $P_5$ . Sin embargo, los datos encontrados por Lupton (2006), son fibras con amplia variación entre  $15.09$  a  $49.27\mu\text{m}$  que hacen un promedio de  $27.85\mu\text{m}$ , son muy superiores al promedio de DF en general encontrado en el presente estudio ( $23.78\mu\text{m}$ ). Este resultado es similar al reportado por Gutiérrez *et al.* (2009) con un promedio de  $23.07\mu\text{m}$ ; Pérez *et al.* (2010), con un promedio de  $22.97\mu\text{m}$ ; Cruz *et al.* (2017) con  $22.87\mu\text{m}$ ; estudios reportados para alpacas Huacaya de la granja Pacamarca en Puno, respuestas similares también fueron registradas por Corredor (2015), con promedio de  $22.83\mu\text{m}$ , en un estudio realizado en Pasco; pero es mayor al reportado por Candio (2011) quien mostró un promedio de  $18.71$  en machos, y por Quispe *et al.* (2009b) quienes hallaron un promedio de  $21.58\mu\text{m}$ .

Por otra lado, el mayor promedio de PVS se halló en alpacas pertenecientes al  $P_4$  y  $P_6$ , de  $3.21$  y  $2.85$  kg, respectivamente. Sin embargo, estas diferencias no pueden ser atribuibles a la genética de los animales, y mucho menos compararlos entre ellos, ya que puede ser resultado de efectos ambientales. El promedio general de PVS en el núcleo fue de  $2.48$  kg, este resultado superior a  $2.13$  kg obtenido por Gutiérrez *et al.* (2009), pero similar a  $2.47$  kg hallado por Corredor (2015).

**Tabla 11: Caracterización del diámetro de fibra y peso de vellón sucio, en los planteles evaluados en la región Pasco**

Plantel	N	Diámetro de fibra ( $\mu\text{m}$ )				Peso de Vellón Sucio (Kg)			
		Promedio	Desv. Est.	Min.	Max.	Promedio	Desv. Est.	Min.	Max.
P <sub>1</sub>	172	22.95	2.28	17.73	28.16	2.45	0.52	1.20	3.50
P <sub>2</sub>	132	20.05	2.09	15.90	26.50	1.79	0.33	1.10	2.80
P <sub>3</sub>	288	24.86	3.13	15.70	35.50	2.27	0.54	0.80	4.50
P <sub>4</sub>	68	25.34	1.24	19.40	34.40	3.21	0.30	1.27	4.32
P <sub>5</sub>	137	23.85	1.66	18.10	32.20	2.32	0.35	1.06	3.59
P <sub>6</sub>	24	25.64	3.01	16.10	33.00	2.85	0.79	1.31	4.30
Núcleo	821	23.78	2.23	17.16	31.63	2.48	0.47	1.12	3.84

#### 4.1.3. Las majadas

La majada es el segundo estrato del esquema de selección en cada rebaño, este estrato está compuesto por alpacas hembras pertenecientes a las clases C y R; y, machos de clase B y C. La producción de fibra es en mayor cantidad, ya que concentra a la mayor población de alpacas y representa gran parte del capital de los rebaños. La cantidad de alpacas presentes en la majada de los rebaños, se muestran en la Tabla 12. El total de hembras reproductoras fue de 5,956.

La mayor proporción de alpacas hembras fue de BLL (48.5 por ciento), seguido de DL (22.2 por ciento), 2D (15 por ciento) y 4D (14.3). Esta distribución difiere a lo reportado por Canazas (2001) quien encontró mayor frecuencia en animales de 4D (39.5 por ciento) y menor proporción de BLL (13.09 por ciento) y a lo encontrado por Cáceres y Díaz (2007) que registraron mayor cantidad de alpacas de 2D (33.9 por ciento).

**Tabla 12: Número de alpacas en la majada, clasificadas por edad y sexo**

Majada	Hembra				Total ♀	Macho				Total ♂
	DL	2D	4D	BLL		DL	2D	4D	BLL	
M <sub>1</sub>	173	101	143	761	1,178	234	66	25	90	415
M <sub>2</sub>	275	156	154	340	925	100	26	8	3	137
M <sub>3</sub>	376	415	346	1,108	2,245	101	499	24	17	641
M <sub>4</sub>	437	183	156	350	1,126	159	20	40	62	281
M <sub>5</sub>	20	23	38	127	208	30	5	-	5	40
M <sub>6</sub>	42	16	15	201	274	23	3	3	6	35
Total	1,323	894	852	2,887	5,956	680	586	100	183	1,549
%	22.2	15	14.3	48.5	100	43.9	37.8	6.5	11.8	100

#### 4.1.4. Flujo de animales en la estructura genética

La Tabla 13, muestra el flujo de alpacas del plantel hacia la majada, observándose que de los rebaños R<sub>1</sub>, R<sub>2</sub>, R<sub>5</sub> y R<sub>6</sub> salieron hembras del plantel en dirección a la majada con porcentajes que fluctúan de 0.7 a 10.6 por ciento de hembras del plantel; caso contrario, sucedió en los rebaños R<sub>3</sub> y R<sub>4</sub> que no registraron este movimiento; similar al reportado por Mueller (2017), en que las mejores ovejas nacidas en el plantel y/o en la majada, son usadas para reemplazar a las hembras viejas o inferiores en el plantel, y las de rechazo son transferidas a las majadas.

El flujo de hembras, del plantel a la majada, se explica cuando baja de nivel desde su anterior clasificación. Mueller (2013) en ovinos, menciona que no necesariamente debería trasladarse las hembras del plantel a la majada si la población está bien estratificada con el uso del método de selección que emplea el BLUP.

Por otra parte, el porcentaje de machos transmitidos a la majada, para el reemplazo anual de los reproductores, muestra que solo el R<sub>2</sub> trasladó machos de 2D de edad hacia a la majada. En consecuencia los rebaños R<sub>1</sub>, R<sub>3</sub>, R<sub>4</sub>, R<sub>5</sub> y R<sub>6</sub> no usaron en sus majadas machos provenientes del plantel (Tabla 13). Experiencias de pequeños rumiantes muestran que la principal finalidad del estrato plantel, es la de proporcionar machos mejoradores a la población base (Haile *et al.*, 2011; Iñiguez *et al.*, 2013).

Durante el año 2016 el movimiento de alpacas entre los planteles y las majadas fue registrado en ambas direcciones, por lo cual las estructuras genéticas establecidas en los rebaños corresponden a un núcleo genético central abierto.

Por otro lado, el flujo de alpacas de la majada hacia el plantel fue representado en la Tabla 14, de ellos se observa, que los seis rebaños miembros de la estructura genética no realizaron reemplazos de hembras en el plantel con hembras provenientes de la majada durante ese año. Esta práctica realizada en la presente descripción del flujo genético, no coincide con lo señalado por Mueller (2013), Haile *et al.*, (2011) y Gizaw *et al.*, (2014a) quienes mencionan que el núcleo genético abierto se caracteriza por permitir el ingreso de las mejores hembras de estratos inferiores hasta un 50 por ciento del reemplazo del plantel.

Caso contrario ocurrió con las alpacas machos de los rebaños R<sub>1</sub>, R<sub>2</sub> y R<sub>5</sub>, los cuales fueron trasladados en los porcentajes de 3.4, 47.1 y 16.7 por ciento de machos del plantel respectivamente. Por su parte Iñiguez *et al.* (2013), señala que no es recomendable usar los machos de los estratos inferiores al plantel debido a que están en un retraso genético por lo menos de una generación, esto concuerda con lo mencionado por Mueller (2013).

El uso de los machos compartidos entre rebaños permite crear vínculos genéticos, es así que el año 2016 los representantes de los seis rebaños que conforman la estructura genética, deciden iniciar con la alternativa de compartir alpacas reproductores, en el cual solo el R<sub>2</sub>, dio 3 machos en calidad de préstamo a los R<sub>3</sub>, R<sub>4</sub> y R<sub>6</sub>, a cada rebaño por 3 meses durante el periodo de empadre (Tabla 13).

**Tabla 13: Flujo de animales entre estratos y entre rebaños, en los rebaños evaluado en la región Pasco**

Rebaño	Plantel-Majada <sup>a</sup>				Majada-Plantel <sup>b</sup>				Rebaño-Rebaño <sup>c</sup>			
	Hembras		Machos		Hembras		Machos		Hembras		Machos	
	N	%	N	%	N	%	N	%	N	%	N	%
R <sub>1</sub>	1	0.7	0	0.0	0	0	1	3.4	0	0	0	0.0
R <sub>2</sub>	12	4.7	1	5.9	0	0	8	47.1	0	0	0	0.0
R <sub>3</sub>	0	0.0	0	0.0	0	0	0	0.0	0	0	0	0.0
R <sub>4</sub>	0	0.0	0	0.0	0	0	0	0.0	0	0	2	1.6
R <sub>5</sub>	9	10.6	0	0.0	0	0	1	16.7	0	0	1	0.8
R <sub>6</sub>	2	3.6	0	0.0	0	0	0	0.0	0	0	1	0.8
Promedio	4.0	3.3	0.2	1.0	0.0	0.0	1.7	11.2	0.0	0.0	0.7	0.5

<sup>a</sup>Flujo de animales hembras y machos del plantel hacia la majada, en cada rebaño miembro del núcleo genético disperso.

<sup>b</sup>Flujo de animales hembras y machos de la majada hacia el plantel, en cada rebaño miembro del núcleo genético disperso.

<sup>c</sup>Flujo de animales hembras y machos entre planteles, de los rebaños miembros del núcleo genético disperso.

FUENTE: Registros proyecto VLIR.



La estructura genética establecida en cada rebaño miembro del núcleo disperso, se encuentra en proceso de fortalecimiento y se caracteriza como núcleo genético abierto con 2 estratos; el superior denominado plantel en el presente estudio, este estrato está abierto a la entrada de animales superiores de niveles inferiores. Wurzinger *et al.* (2008), Haile *et al.* (2011) y Mueller *et al.* (2017), señalan que el sistema de núcleo abierto supera a los sistemas de núcleo cerrado, porque se adecua a las necesidades reales de los productores.

Los rebaños iniciaron con un núcleo centralizado abierto, y según a la descripción del flujo genético se dio la necesidad de compartir animales reproductores entre rebaños, debido a sus fines comunes en el mejoramiento genético. Actualmente se encuentra en proceso de transformación hacia un sistema de núcleo genético disperso. Mueller (2017) y Gizaw *et al.* (2014a) mencionan que la combinación de esquemas con núcleo central que opera como núcleo genético disperso es ideal.

#### **4.2. TAMAÑO DEL NÚCLEO**

En base al número de alpacas hembras en la majada señalado en la Tabla 12, se calculó el número de alpacas en el plantel, para cada rebaño miembro de la estructura del núcleo genético disperso. El cálculo se realizó tal como fue explicado en la metodología. La Tabla 14, muestra los resultados obtenidos para el número de machos reproductores necesarios en el empadre de las hembras de la majada, este fue tomado de la relación 1 machos para 20 hembras, lo cual resultó en promedio de 4.97 por ciento del número de alpacas reproductoras de la majada. Respecto a la cantidad de hembras en el plantel, para dicha población base, resultó ser 10.62 por ciento para los rebaños R<sub>1</sub>, R<sub>2</sub>, R<sub>3</sub> y R<sub>4</sub>, mientras que el R<sub>5</sub> y R<sub>6</sub> resultó ser el 17.05 por ciento. En este caso representamos en porcentajes los tamaños de los estratos en la estructura de núcleo disperso, siendo el tamaño de la majada el 87.22 por ciento y el núcleo de 12.78 por ciento. Dato similar fue reportado por Mueller *et al.* (2015b) con el 16.8 por ciento de plantel para una población de cabras en un sistema de empadre natural. De 5 a 15 por ciento de la población de ovinos representa un plantel genético abierto en ovinos (Haile *et al.*, 2011). Resultado distintos son los reportados por Gicheha *et al.* (2006) para ovejas en un sistema de empadre natural el tamaño de plantel de 5 por ciento de la población total, para proporcionar el 30 por ciento de la población base en un núcleo cerrado. En un estudio realizado con ovinos australianos Van der Werf *et al.* (2010), muestra un tamaño de

plantel en una estructura de 3 estratos, para el plantel con 2.5 por ciento, el segundo estrato de 40 por ciento en un población de 200000 ovejas.

En cuanto a la comparación del tamaño de plantel calculado (Tabla 14) frente al real (Tabla 15), al mostrarlos en proporciones los tamaños de núcleos calculados y los reales no son distintos. Esto nos permite decir que los datos calculados pueden ser de referencia para que los productores, puedan alinear la distribución de sus animales en el estrato plantel cuando se mantiene la cantidad de hembras en la majada. Además de modificar el tamaño de majada, podrían tomar esa misma ruta de cálculo para establecer el nuevo tamaño de plantel.

**Tabla 14: Tamaño calculado de los planteles, para los rebaños evaluados en la región Pasco**

Rebaño	Majada tamaño real			Plantel tamaño calculado		
	Hembras	Machos	%	Hembras	Machos	%
R <sub>1</sub>	1178	59	89.38	140	7	10.62
R <sub>2</sub>	925	46	89.33	110	6	10.67
R <sub>3</sub>	2245	112	89.38	266	14	10.62
R <sub>4</sub>	1126	56	89.34	134	7	10.66
R <sub>5</sub>	208	10	82.89	42	3	17.11
R <sub>6</sub>	274	14	83.00	55	4	17.00
Total	5956	297	87.22	747	41	12.78
%	100	4.97		100	5.47	

**Tabla 15: Tamaño real de los planteles, para los seis rebaños evaluados en la región Pasco**

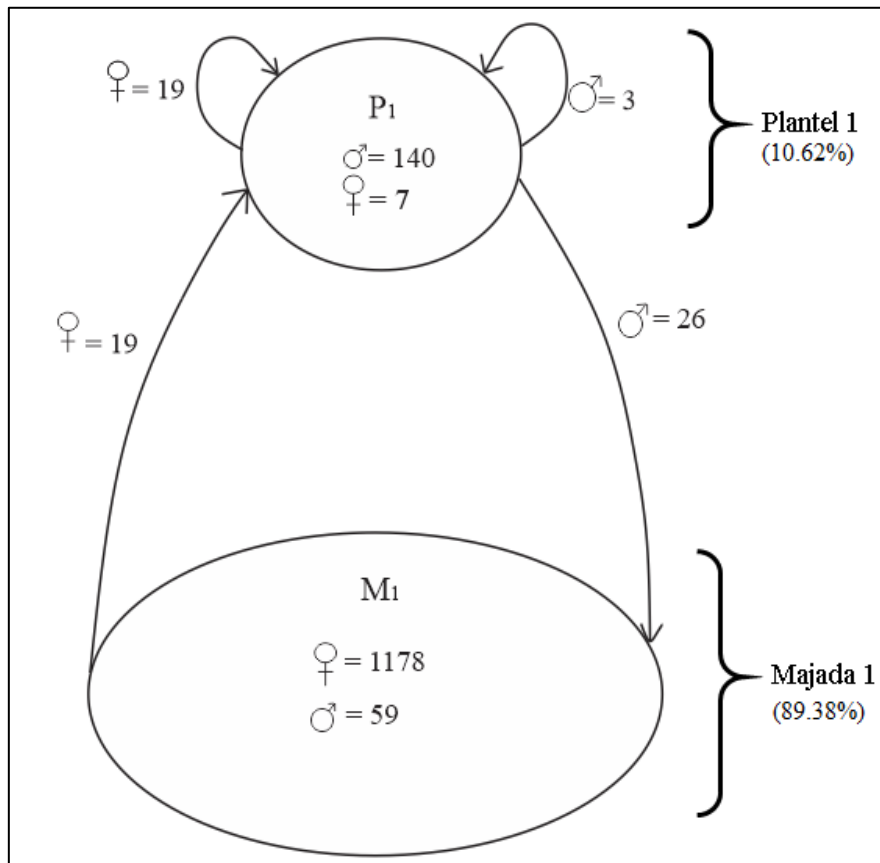
Rebaño	Majada tamaño real			Plantel tamaño real		
	Hembras	Machos	%	Hembras	Machos	%
R <sub>1</sub>	1178	91	85.86	149	60	14.14
R <sub>2</sub>	925	37	77.83	253	21	22.17
R <sub>3</sub>	2245	141	91.45	110	113	8.55
R <sub>4</sub>	1126	102	90.83	67	57	9.17
R <sub>5</sub>	208	5	70.07	85	6	29.93
R <sub>6</sub>	274	6	81.16	56	9	18.84
Total	5956	382	86.54	720	266	13.46

Basados en las consideraciones del manejo de los rebaños miembros del núcleo genético disperso, se obtuvo los resultados sobre el número de alpacas hembras y machos requeridos para el reemplazo en el estrato plantel y majada (Tabla 16). El punto a detallar es fundamentalmente el número de alpacas machos de reemplazo que la majada requiere, donde los rebaños R<sub>1</sub>, R<sub>2</sub>, R<sub>3</sub> y R<sub>4</sub> resultan ser un promedio de 37.6 por ciento del total de animales obtenidos en el plantel, mientras que en los rebaños R<sub>5</sub> y R<sub>6</sub> fue de 34.4 por ciento del total de las progenies obtenidos en el estrato plantel, esta diferencia se debe por que las hembras de estos dos últimos rebaños ingresan al periodo reproductivo un año más tarde a las hembras de los demás rebaños, se le atribuye al manejo de la alimentación.

El total de alpacas machos requeridos para el reemplazo anual de toda la majada de la estructura de núcleo genético disperso es de 136 (30.1 por ciento) de las progenies obtenidas en el núcleo, mientras para su propio reemplazo el núcleo requiere 16 (4.5 por ciento) de machos. La figura 12 representa la distribución de alpacas para el rebaño 1 como modelo de lo que se practica en cada rebaño evaluado. Los mejores machos nacidos en el plantel se usan en el propio plantel; los siguientes mejores se usan en las majadas (Mueller, 2013; Gizaw *et al.*, 2014a).

**Tabla 16: Número de alpacas de reemplazo en el plantel y majada**

Rebaño	Progenie obtenidos en plantel		Reemplazo con progenies del plantel			Progenie Saca (♀ y ♂)
	♀	♂	♀ Plantel	♂ Plantel	♂ Majada	
R <sub>1</sub>	34	35	19	3	26 (37.6%)	21
R <sub>2</sub>	27	27	15	2	20	17
R <sub>3</sub>	66	66	37	6	50	40
R <sub>4</sub>	33	33	18	3	25	20
R <sub>5</sub>	7	8	7	1	5 (34.4%).	1
R <sub>6</sub>	9	10	8	1	6	2
Total	176	179	107	16	136	101



**Figura 12: Distribución de alpacas en el rebaño 1, para el tamaño calculado en base a la cantidad de hembras en la majada**

### **4.3. SIMULACIÓN DE LOS ESQUEMAS DE MACHOS DE REFERENCIA**

#### **4.3.1. Grado de vínculo genético del esquema de machos de referencia**

Bajo las condiciones del estudio, se han simulado tres esquemas de machos de referencia buscando el rol principal, crear vínculos genéticos entre los rebaños evaluados con el uso de machos compartidos para formar grupos de comparación; en cada escenario de EMR se encontró 18 GC, a los cuales, se les asignó un código numérico que van del 1 al 18.

La Tabla 17, se muestra los resultados obtenidos para el número total de lazos genéticos de cada GC con todos los otros grupos; el GC con mayor número de lazos genéticos es denominado grupo principal. El primer escenario 3MR, obtuvo mayor valor para el GC-8 con 463.75 de número total de lazos genéticos (TLG), por otro lado, se observa que el GC-18 registró 8.5, este GC alcanzó el menor número TLG, lo cual, significa que este no mantiene vínculo genético con el grupo principal. Sin embargo, en vista que su valor es superior a 0, y el método de LGD nos permite afirmar que al menos mantiene vínculo con los demás grupos secundarios, por lo tanto el GC-18 generó un vínculo genético indirecto con el grupo principal.

El esquema de 3MR, posee 17 grupos vinculados con el grupo principal cada uno con diferentes números de lazos genéticos, un GC es secundario y ningún de los grupos están desvinculados. Los animales del grupo 18, pueden ser comparados con los de otros grupos, como fue señalado por Mathur (2005), para el grado de vínculo genético en granjas de porcinos; no siempre es necesario tener vínculos genéticos directos entre los rebaños, porque, el vínculo también puede ocurrir debido a vínculos genéticos indirectos. Kennedy y Trus (1993) y Hanocq *et al.* (1999), reportaron opiniones similares. El vínculo directo, no es absolutamente necesarios, para que exista vínculo genético, pero son importantes para incrementar el grado del vínculo genético. Por otra parte Jiménez *et al.* (2005), reportó un trabajo en bovinos, donde inicialmente 15 rebaños estaban vinculados genéticamente, progresivamente se logró vincular hasta 37 rebaños en 10 años de trabajo, obteniendo datos comparables entre ellos; obviamente los rebaños aun no vinculados, no fueron sometidas a comparación genética los rebaños.

El segundo escenario 6MR, se obtuvo mayor valor en el GC-8 con 492.25 TLG, por lo tanto, este es el grupo principal. El menor fue de 30.5 TLG obtenido en el GC-15, sin

embargo, es superior al límite inferior para mantener el vínculo con el grupo principal (>10), por lo tanto, se considera que este grupo aún mantiene un vínculo directo con el grupo principal; no se encuentra grupos secundarios; no se encontró GC desvinculados.

El tercer escenario 9MR, tuvo como grupo principal al grupo de comparación 8 con 491.5 TLG; los grupos secundarios fueron los 17 restantes, y el menor valor encontrado fue el GC-18 con 16 TLG. Además, no presenta GC con vínculos genéticos indirectos, ni grupos desvinculados.

**Tabla 17: Número total de vínculos genéticos de todos los grupos contemporáneos con otros grupos**

GC	3MR	6MR	9MR
1	252.75	259.75	258.5
2	264.25	270.0	267.5
3	120.5	118.5	113.25
4	122.5	137.5	135.25
5	191.0	200.0	195.75
6	159.0	159.0	154.0
7	442.5	459.25	469.0
8	463.75	492.25	491.5
9	255.0	299.0	284.75
10	215.25	238.25	265.0
11	243.0	256.25	288.5
12	137.25	160.25	185.0
13	35.25	38.25	52.25
14	37.0	40.0	52.5
15	16.25	30.5	37.5
16	34.0	85.75	61.0
17	36.75	87.0	62.25
18	8.5	31.0	16.0
Max.	463.75	492.25	491.5
Min.	8.5	30.5	16.0

Los tres escenarios de EMR generaron rápidamente vínculos genéticos entre los GC, por lo tanto entre rebaños. Este resultado concuerda con lo mencionado por Kuehn *et al.* (2008), quienes señalan alto grado de vínculo genético entre rebaños de ovinos, tan pronto como el EMR comenzó, también mencionan que disminuye sustancialmente si los rebaños suspenden el uso de los reproductores machos de referencia. Sin embargo en este estudio no se mostró este dato, debido a que las simulaciones fueron realizadas con las mismas cantidades de machos de referencia para cada año durante las tres generaciones evaluadas.

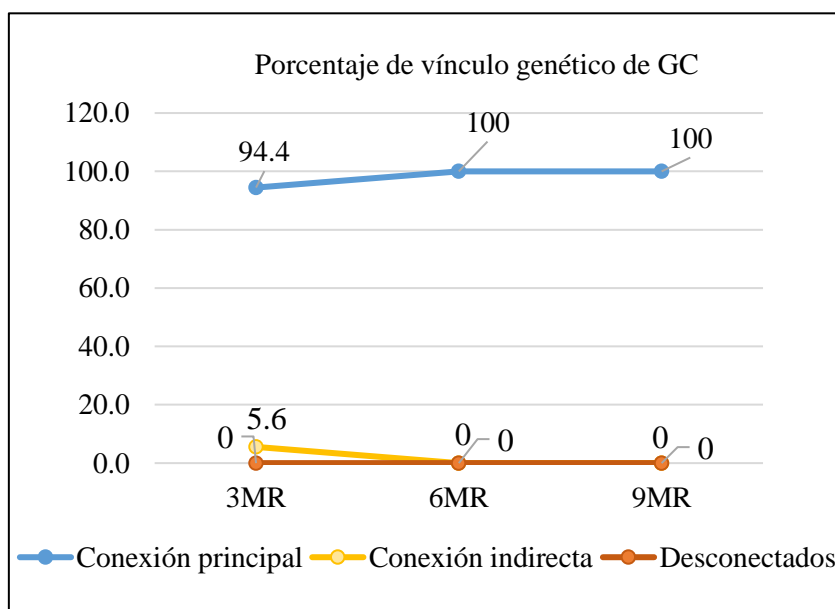
Los resultados obtenidos del grado de vínculo genético entre grupos de comparación, son inferiores a lo reportados por Roso *et al.* (2004) de  $707 \pm 503$  TLG, esto puede ser explicado porque los autores mencionados, calcularon para poblaciones de vacunos con sistema de inseminación artificial donde el reproductor macho de referencia, puede compartir progenies en varios rebaños. Sin embargo, los escenarios simulados fueron para producción de alpacas por monta natural.

Como era de esperar, los escenarios con mayor número de progenies de estos reproductores machos de referencia, generó mayor LTG entre grupos. Similares resultados fueron reportados por Kuehn *et al.* (2007), al evaluar escenarios de machos de referencia para bovinos, registraron un total de 20 progenies del macho reproductor común, para que el esquema tenga claras ventajas en la disminución de sesgos de 50 a 33 por ciento de la evaluación genética. Los resultados también coincide con Tarrés *et al.* (2010), quienes mencionan que la calidad de diseño del EMR, a través de la proporción de progenies de los machos comunes dentro de un rebaño, permite mejorar el sesgo en la comparación de valores genéticos entre rebaño. Mathur (2005), señalan que alrededor del 15 por ciento de las progenies de MR en un rebaño son suficientes para alcanzar un buen nivel de vínculo genético en porcinos.

A pesar que los escenarios 1 y 2 con 6MR y 9MR respectivamente, poseen el mismo número de GC con vínculos genéticos, estos difieren en los valores generados por cada GC, siendo superiores los grupos del escenario 2, lo cual refleja la cantidad efectiva de progenies que deja el compartimiento de machos en cada rebaño miembro. Hanocq *et al.* (1999), mencionan que solo con realizar un adecuado vínculo se incrementa la tendencia genética (+20 por ciento) en cada ciclo de selección. Kennedy y Trus (1993) mostraron

que la vínculo aumenta con la relación entre los grupos, mientras que disminuye cuando aumenta la relación dentro del grupo.

La Figura 13, se muestra los resultados obtenidos para el grado de vínculo en los GC, el escenario de 3MR, se obtuvo que el 94.4 por ciento de los GC están vinculados directamente, el 5.6 por ciento de GC establecieron vínculos indirectos y no existe desvinculados, mientras tanto los esquemas de 6MR y 9 MR el 100 por ciento de los GC se encuentran vinculados genéticamente de forma directa. Estos porcentaje bastantes altos de grado de vínculo de los GC, son similares a lo reportado por Magaña *et al.* (2012), estos autores registraron 71 por ciento de grado de vínculo genético entre los GC, en una evaluación de 7 escenarios de machos de referencia con 39 vacunos y con 3 CG.



**Figura 13: Porcentaje de grupos contemporáneos conectados con los demás grupos**

Bajo los escenarios simulados de EMR con modelo animal, se calculó el grado de vínculo genético creada mediante el número TLG entre grupos contemporáneos establecidos en los seis rebaños evaluados, para tres generaciones vinculados genéticamente con el mismo número de MR. El escenario 3MR, tuvo el grado de vínculo principal de 98.2 por ciento, vínculo secundario de 1.8 por ciento y no existe animales desvinculados. Mientras las progenies de los escenarios para 6MR y 9MR establecieron vínculo genético principal de 100 por ciento (Tabla 18).



Kuehn *et al.* (2008), reportó 20 por ciento de grado de vínculo genético en 15 rebaños de ovinos con modelo macho, al evaluar 15 quince GC con machos de referencia, mencionan que este valor permite minimizar el riesgo de comparar valor de cría del animal. Por su parte Tarrés *et al.* (2010) registró vínculo genético alto de 70.70 por ciento para una evaluación genética con modelo animal, en 18 rebaños de bovinos. Por lo tanto en el presente estudio, se observa que los porcentajes de vínculo son altos, siendo, similares a lo reportado por Roso *et al.* (2004) de 94.5 por ciento de TLG para rebaños de bovinos de carne.

**Tabla 18: Grado de vínculo genético entre progenies**

Escenarios	3MR	6MR	9MR
Total de progenies	1062	1062	1062
Vínculo principal *	1043 (98.2 %)	1062 (100%)	1062 (100%)
Vínculo secundario	19 (1.8%)	0 (0%)	0 (0%)
Desvinculados	0	0	0

\* Solo progenies que se encuentra en GC con vínculo genético mayor a 10

## V. CONCLUSIONES

- Los rebaños están establecidos por un núcleo genético central y abierto, con bajo flujo de animales entre plantel y majada durante el año 2016.
- Bajo los parámetros zootécnicos del estudio y para una población base de 5956 hembras y 268 machos, el tamaño mínimo del núcleo disperso debería ser de 747 hembras y 41 machos reproductores.
- El esquema de reproductores machos de referencia para el núcleo genético disperso en estudio, permitirá establecer vínculos genéticos directos que fluctúan de 98.2 a 100 por ciento, en tres generaciones, según incrementa progresivamente el número de reproductores machos de referencia y la proporción de hembras empadradas.

## **VI. RECOMENDACIONES**

- Incrementar el flujo de animales entre el plantel y la majada de cada rebaño.
- Fortalecer el manejo de registros de genealogía y producción, para usar metodologías de evaluación genética que disminuyan los sesgos.
- Realizar más investigaciones sobre la tasa de consanguinidad y ganancia genética al incrementar el grado de vínculos genéticos entre rebaños.

## VII. REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

Abad, M; Arrigo, J; Gibbons, A; Lanari, MR; Morris, G; Taddeo, H. 2002. Breeding scheme for Angora production in north Patagonia. In: Proceedings of the 7th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production; 2002 Agosto 19-23. Institut National de la Recherche Agronomique (INRA).

Ahuya C; Okeyo A; Peacock C. 2005. Development challenges and opportunities in the goat industry: the Kenya experience. *Small Ruminant Research* 60 (1): 197-206.

Aylan, P. y McGregor, B. 2002. Optimising sampling techniques and estimating sampling variance of fleece quality attributes in alpacas. *Small Ruminant Research* 44: 53 - 64.

Barrantes, C. 2012. Caracterización de planteles en los sistemas de producción alpaquera de la Sierra Central. Tesis Mag. Sc. Escuela de postgrado UNALM. Lima, Perú. 97 p.

Candio, J. 2011. Caracterización de la fibra del plantel de alpacas de la SAIS Pachacutec – Junín. Tesis Ing. Zootecnista. UNALM. Lima, Perú. 72 p.

Cáceres, M. y Díaz, G. 2007. Estructura poblacional y variabilidad fenotípica de alpacas (*Vicugna pacos*) en el distrito de Paratia, Provincia de Lampa-Puno. *Arch. Latinoam. Prod. Anim*, 15(Suppl 1), 480-481.

Canazas, F. 2001. Estructura poblacional y variabilidad fenotípica de alpacas en tres anexos del distrito San Juan de Tarucani en la Reserva Nacional de Salinas y Aguada Blanca. Tesis MVZ Universidad Católica de Santa María. Arequipa – Perú.

Cardellino, R; Rovira, J. 1988. Mejoramiento genético animal. Ediciones Hemisferio Sur. Montevideo - Uruguay. 253 p.

Carneiro, A; Torres, R; Euclides, R; Silva, M; Lopes, P; Carneiro, P; Torres Filho, R. 2001. Efeito da Conexidade de Dados sobre a Acurácia dos Testes de Progênie e Performance. *Revista Brasileira de Zootecnia* 30(2): 342-347.

- Cervantes, I. 2008. Estructura genética del caballo de pura raza Árabe Español y su influencia en razas derivadas: Aplicación de nuevas metodologías en el cálculo del tamaño efectivo. Tesis Doctoral. Universidad Complutense de Madrid. 31 p.
- Cervantes, I; Pérez, M; Morante, R; Burgos, A; Salgado, C; Nieto, B; Gutiérrez, J. 2010. Genetic parameters and relationships between fiber and type traits in two breeds of Peruvian alpacas. *Small Ruminant Research* 88(1): 6-11.
- Corredor, A. 2015. Relación entre las clases de evaluación visual y el peso de vellón, peso vivo y finura en alpacas Huacaya de Pasco. Tesis Mag. Sc. Escuela de postgrado UNALM. Lima, Perú. 69p.
- Cruz, A; Cervantes, I; Burgos, A; Morante, R; Gutiérrez, J. 2017. Genetic parameters estimation for preweaning traits and their relationship with reproductive, productive and morphological traits in alpaca. *Animal* 11(5): 746-754.
- De Los Ríos, E. 2006. Producción textil de fibras de camélidos sudamericanos en el área altoandina de Bolivia, Ecuador y Perú. Organización de las Naciones Unidas para el Desarrollo Industrial (UNIDO). Consultado 26 de ene. 2017. Disponible en: [https://www.unido.org/file-storage/download/?file\\_id=58563](https://www.unido.org/file-storage/download/?file_id=58563).
- Estrada, R; Monforte, J; Segura, J. 2008. Comparación de modelos en la evaluación genética de caracteres de crecimiento del ganado Brahman en el sureste de México. *Archivo Latinoamericano Producción Animal* 16: 221-231.
- Fries, L y Roso V. 1997. Conectabilidade em avaliações genéticas de gado de corte: uma proposta heurística. In: *Anais XXXIV Reu. Soc. Bras. Zoot., Juiz de Fora, Brasil*. 159–161p.
- Flores, E; Cruz, J; Ruiz, J. 2004. Memorias del proyecto ganadero Pasco. Convenio CICCFA-FDA- Cooperativa Comunal de Yurajhuanca.
- Gicheha, G; Kosgey, S; Bebe, O; Kahi, K. 2006. Evaluation of the efficiency of alternative two-tier nucleus breeding systems designed to improve meat sheep in Kenya. *Journal of Animal Breeding and Genetics* 123(4): 247-257.
- Gizaw, S; Komen, H; Van Arendonk, J. 2010. Participatory definition of breeding objectives and selection indexes for sheep breeding in traditional systems. *Livestock Science* 128(1): 67-74.

Gizaw, S; Rischkowsky, B; Vall, A; Haile, A; Van Arendonk, J; Mwai, A; Dessie, T. 2014a. Breeding programs for smallholder sheep farming systems: I. Evaluation of alternative designs of breeding schemes. *Journal of Animal Breeding and Genetics* 131(5): 341-349.

Gizaw, S; Arendonk, J; Valle-Zárate, A; Haile, A; Rischkowsky, B; Dessie, T; Mwai, A. 2014b. Breeding programs for smallholder sheep farming systems: II. Optimization of cooperative village breeding schemes. *Journal of Animal Breeding and Genetics* 131(5): 350-357.

Gizaw, S; Goshme, S; Getachew, T; Haile, A; Rischkowsky, B; Van Arendonk, J; Valle-Zárate, A; Dessie, T; Mwai A. 2014c. Feasibility of pedigree recording and genetic selection in village sheep flocks of smallholder farmers. *Tropical Animal Health Production*. 46:809-814.

Gonzales, C; Fajardo, M; Corredor, A; Dallos. 2002. Protocolo de análisis de información de finca ganaderas. Bogotá, Colombia. Consultado 04 de may. 2017. Disponible en: <http://www.compuagro.net/Tour/Protocolo%20de%20 analisis.pdf>

Gutiérrez, G. 2011. Valores estimados de los parámetros genéticos en poblaciones de alpacas. En: *Producción y tecnología en camélidos sudamericanos*. Universidad Nacional de Huancavelica. Páginas: 241-249.

Gutiérrez, J; Goyache, F; Burgos, A; Cervantes, I. 2009. Genetic analysis of six production traits in Peruvian alpacas. *Livestock Science* 123 (2): 193 - 197.

Haile, A; Wurzinger, M; Mueller, J; Mirkena T; Duguma, G; Okeyo, A; Sölkner, J; Rischkowsky, B. 2011. Guidelines for setting up Community-based sheep Breeding Programs in Ethiopia, ICARDA tools and guidelines N°1 Alppo, Syria, ICARDA.

Hanocq, E; Boichard, D; Foulley, J. 1996. A simulation study of the effect of connectedness on genetic trend. *Genetics Selection Evolution* 28(1): 67.

Hanocq, E; Tiphine, L; Bibé, B. 1999. Le point sur la notion de connexion en génétique animale. *INRA Production Animal* 12(2): 101-111.

Huanca, T; Apaza, N; Lazo, A. 2007. Evaluación del diámetro de fibra en alpacas de las comunidades de los distritos de Cojata y Santa Rosa - Puno. XX Reunión ALPA, XXX Reunión APPA-Cusco-Perú. En: *Sitio Argentino de Producción Animal*. 8 p.

Huanca, W. 2012. Biotecnologías reproductivas en camélidos sudamericanos domésticos como alternativas para la mejora genética. In XVI Congreso Venezolano de Producción e industria Animal. Archivos Latinoamericanos de Producción Animal 23 (1): 1-4.

INEI (Instituto Nacional de Estadística e Informática). 2012. Resultados Definitivos. IV Censo Nacional Agropecuario 2012. IV CENAGRO.pdf. Consultado 26 mar. 2017. Disponible en:

<http://proyectos.inei.gob.pe/web/DocumentosPublicos/ResultadosFinales>

Iñiguez, L; Mueller, J; Faco, O; Wurzinger, M; Sölkner, J; Rodríguez, T; Salinas, H. 2013. Limitaciones y sostenibilidad del mejoramiento genético comunitario para pequeños productores en las zonas áridas de Latinoamérica. In: L.R. Iñiguez (Ed.). La Producción de Rumiantes Menores en las Zonas Áridas de Latinoamérica. Editorial EMBRAPA. 516-538p.

James, J. 1977. Open nucleus breeding systems. *Animal production*, 24: 287 - 305.

James, J. 1978. Effective population size in open nucleus breeding schemes. *Acta Agric. Scand.*, 28: 387-392.

Jiménez, M y Jurado, J. 2005. Esquema de selección en la raza Assaf en León. *ITEA* 26: 99-101.

Jurado, J; Serrano, M; Perez, M. 2006. Análisis del progreso genético obtenido en el esquema de selección de la raza ovina Manchega. *ITEA*, 102 (1): 41-54.

Kennedy, B y Trus, D. 1993. Considerations on genetic connectedness between management units under an animal model. *J. Anim. Sci.* 71: 2341–2352.

Kuehn, L; Lewis, R; Notter, D. 2007. Managing the risk of comparing estimated breeding values across flocks or herds through connectedness: a review and application. *Genetics Selection Evolution* 39(3): 225.

Kuehn, L; Notter, D; Nieuwhof, G; Lewis, R. 2008. Changes in connectedness over time in alternative sheep sire referencing schemes. *Journal of animal science* 86(3): 536-544.

Laloë, D. 1993. Precision and information in linear models of genetic evaluation. *Genetics Selection Evolution* 25(6): 557.

- Lanari, M; Pérez, M.; Arrigo, J.; Debenedetti, S; Abad, M. 2009. Razas locales y fibras caprinas, bases para un desarrollo rural del norte de la Patagonia Argentina. *Animal Genetic Resources Information*. 45:55-59.
- Lewis, R; Crump, R; Simm, G; Thompson, R. 1999. Assessing connectedness in cross-flock genetic evaluations. In: *Proc. Br. Soc. Animal Science*, 22 – 24 March, Scarborough, England: 121p.
- Lewis, R y Simm, G. 2000. Selection strategies in sire referencing schemes in sheep. *Livestock Production Science* 67 (1):129-141.
- Lupton, C; McColl, A; Stobart, R. 2006. Fiber characteristics of the Huacaya Alpaca. *Small Ruminant Research* 64 (2006): 211-224.
- Mathur, P. 2005. Importance of connectedness between herds for effective across herd genetic evaluation. *Journal of South China Agricultural University* 26: 61-68.
- Magaña, F; Núñez, R; Ramírez, R; Rodríguez, F. 2012. Conectividad en evaluaciones genéticas de animales: 1. Metodologías. *Agrociencia* 46(7): 677-692.
- Mamani, G. 2013. Estructura genética poblacional y tendencia genética de peso vivo al nacimiento en alpacas del banco de germoplasma de Quinsachaya del INIA en Puno N°. L10 M3-T. Tesis Mag. Sc. Escuela de postgrado UNALM. Lima, Perú. 91 p.
- McGregor, B. 2006. Production, attributes and relative value of alpaca fleeces in southern Australia and implications for industry development. *Small Ruminant Research* 61(2): 93-111.
- McGregor, B; Ramos, H; Quispe, E. 2012. Variation of fiber characteristics among sampling sites for Huacaya alpaca fleeces from the High Andes. *Small Ruminant Research* 102 (2012): 191– 196.
- Mueller, J. 2001. Mejoramiento genético de las majadas patagónicas. Oliva G (Eds.) .Ed INTA Región Patagonia Sur 10: 211-224.
- Mueller, J. 2008. Estrategias para el mejoramiento de camélidos sudamericanos. Actualidades sobre adaptación, producción, reproducción y mejora genética en camélidos. Universidad Nacional de Huancavelica. Primera Edición. Huancavelica, Perú. 93-112 p.



- Mueller, J. 2013. Experiencias con estructuras genéticas para el mejoramiento de rumiantes menores en las zonas áridas. L.R. Iñiguez. La producción de rumiantes menores en las zonas Áridas de Latinoamérica. Editorial EMPRADA, Brasilia. 497-513 p.
- Mueller, J; Ansari-Renani, H; Momen, S; Ehsani, M; Alipour, O; Rischkowsky, B. 2015a. Implementation of a Cashmere goat breeding program amongst nomads in Southern Iran. *Small Ruminant Research* 129: 69-76.
- Mueller, J; Rischkowsky, B; Haile, A; Philipsson, J; Mwai, O; Besbes, B; Sölkner, J. 2015b. Community-based livestock breeding programs: essentials and examples. *Journal of Animal Breeding and Genetics* 132(2): 155-168.
- Mueller, J. 2017. Programas de mejora genética de rumiantes menores basados en comunidades. *Archivos Latinoamericanos de Producción Animal* 25(1-2): 59-73.
- Nieto, L y Alejos I. 1999. Estado económico y productivo del Centro de Producción e Investigación de Camélidos Sudamericanos – Lachocc. XXI Reunión Científica Anual APPA.
- Pérez, M; Cervantes, I; Morante, R; Burgos, A; Goyache, F; Gutiérrez, J. 2010. Analysis of the existence of major genes affecting alpaca fiber traits. *Journal of animal science* 88(12): 3783-3788.
- Quina, E; Renieri, C; Toro, O; Marquina, R; Peña, Y; Pachacuta, A. 2005. La aplicación de un modelo de mejoramiento genético en alpacas en la provincia de Caylloma, Arequipa. *Veterinarie- Metalica*.
- Quispe, E; Alfonso, L; Flores, A; Guillen, H; Ramos, Y. 2009a. Bases para un programa de mejora de alpacas en la región altoandina Huancavelica. *Archivos de Zootecnia*. 58 (224). 705-716.
- Quispe, C; Rodríguez, C; Iñiguez, L; Mueller J. 2009b. Producción de fibra de alpaca, llama, vicuña y guanaco en Sudamérica. *Animal Genetic Resources Information* (45): 1–14.
- Quispe, E. 2010. Estimación del progreso genético de seis esquemas de selección en alpacas (*Vicugna pacos*) Huacaya con tres modelos de evaluación en la región altoandina de Huancavelica. Tesis para optar el grado de Doctoris Philosophiae (Ph.D.) Escuela de postgrado - UNALM. Lima, Perú. 114 p.

- Quispe, E; Poma, A; Purroy, A. 2013. Características productivas y textiles de la fibra de alpacas de raza Huacaya. *Revista Complutense de Ciencias Veterinarias* 7(1):1-29.
- Renieri, C; Pacheco, C; Valbonesi, A; Frank, E; Antonini, M. 2007. Programa de mejoramiento genético en camélidos domesticos. *Archivos Latinoamericanos de Producción Animal* 15(1): 205-210.
- Roso, V; Schenkel, F; Miller, S. 2004. Degree of connectedness among groups of centrally tested beef bulls. *Canadian Journal of animal science* 84(1): 37-47.
- Roso, V y Schenkel, F. 2006. AMC-A computer program to assess the degree of connectedness among contemporary groups. In: *Proceedings of the 8th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production*. 13-18 August, 2006, Belo Horizonte, Minas Gerais, Brazil. 27-26 p.
- Roden, J. 1996. A comparison of alternative nucleus breeding systems and a sire referencing scheme for sheep improvement. *Animal Science* 62(2): 265-270.
- Ruiz, J; Gutiérrez, G; Flores, E. 2015. Índices pecuarios de tres unidades de producción de alpacas en Pasco. VII World Congress on South American Camelids, 28 al 30 de octubre Puno, Perú.
- Simm, G; Lewis, R; Collins, J; Nieuwhof, G. 2001. Use of sire referencing schemes to select for improved carcass composition in sheep. *Journal of Animal Science* 79(E-Suppl):E255-E259.
- Slatkin, M. 1987. Gene flow and the geographic structure of natural populations. *Science Washington* 236(4803): 787-792.
- Tarrés, J; Fina, M; Piedrafita, J. 2010. Connectedness among herds of beef cattle bred under natural service. *Genetics Selection Evolution* 42(1): 6.
- Urioste, J; Ponzoni, R; Aguirrezabala, M; Rovere, G; Saavedra, D. 2003. Características de la res en objetivos y criterios de selección para razas británicas en el Uruguay. *Agrociencia* 7(1): 1-8.
- Van der Werf, J; Kinghorn, B; Banks, R. 2010. Design and role of an information nucleus in sheep breeding programs. *Animal Production Science* 50(12): 998-1003.
- Velarde, C y Guerrero, J. 2001. Improving quantity and quality of Alpaca fiber; using simulation model for breeding strategies. In SAAD III: In Proceeding Tirad International

Symposium in Systems Approachs for Agricultural Development. SAAD III [CD ROM compatible]. Lima, Perú.

Wuliji, T; Davis, G; Dodds, K; Turner, P; Andrews, R; Bruce, G. 2000. Production performance, repeatability and heritability estimates for live weight, fleece weight and fiber characteristics of alpacas in New Zealand. *Small Ruminant Research*. 37: 189-201.

Wurzinger, M; Willam, A; Delgado, J; Nürnberg, M; Valle, A; Stemmer, A; Ugarte, G; Sölkner, J. 2008. Design of a village breeding program for a llama population in the high Andes of Bolivia. *Journal of animal breeding and Genetic* 125 (5): 311-319.

## VIII. ANEXOS

### Anexo I. Modelo de registro para inventario de plantel

REGISTRO DE INVENTARIO DE ANIMALES 2016							
Fecha: 10/10/2016				Responsable: Ms. Ing. Jorge Mendoza D.			
Asociación: San Pedro de Racco				Ubicación : Garita			
Nº.	ARETE	NO. RG	EDAD	SEXO	COND. CORPORAL	CLASE	OBSERVACIONES
1	0599	I-10671	BLL	M	4	R	Prog.*
2	0764		BLL	M	3.5	B	
3	0968		2D	M	3.5	C	
4	5G115		DL	M	3.5	A	
5	0899		2D	M	3.5	A	C. Rural Alianza**
6	0900		DL	M	3.5	C	Can***
7		I-10340	BLL	M	3.5	RV	Viejo****
8	5G167		DL	M	3.5	R	B. majada*****

(\*) Prognatismo, (\*\*) Animales comprado de otro rebaño, (\*\*\*) Animales con canas, (\*\*\*\*) Animales viejos boca llena mayores de 6 años de edad y (\*\*\*\*\*) Animales que son llevados a majada por no cumplir con los caracteres requeridos en núcleo.

### Anexo II. Modelo de registro de planilla mensual

PLANILLA DE ASISTENCIA								
COOPERATIVA COMUNAL SAN PEDRO DE RACCO								
Contada General del mes : Octubre					Año: 2016			
Pastores de alpacas Huacaya	Contada del mes anterior	Existencia fin de mes						Total
		Crías	Tuis		Adultos			
		Extrema	Hembras	Machos	Madr es	Padre s	Preñ adas	
Miguel Yantas Guillermo	232	-	2	2	-	13	213	230
Yuder Custodio Valentín	279	-	-	-	-	89	-	89
Eusebio Capcha Ramos	384	-	11	4	6	-	362	383
Maribel Secada Valentín	465	-	16	4	20	-	421	461
Benjamín Toscano Toribio	93	-	-	-	-	93	-	93
Rogelio Ramírez Poma	523	-	-	-	-	-	-	0
Nilton Quispe Barrientos	89	-	40	48	-	-	-	88
Héctor Yantas Guillermo	-	-	232	276	-	-	-	508
Total	2,065	-	301	334	26	195	996	1,852

**Anexo III. Inventario de alpacas en el plantel por sexo, edad y clase.**

Plantel	Clase	Hembras				Total	Machos				Total
		DL	2D	4D	BLL		DL	2D	4D	BLL	
P <sub>1</sub>	S	2	0	1	0	3	0	0	0	0	0
	A	19	8	2	4	33	1	0	0	0	1
	B	25	6	4	26	61	13	1	1	0	15
	C	9	7	3	33	52	7	1	1	4	13
Subtotal		55	21	10	63	149	21	2	2	4	29
P <sub>2</sub>	S	1	1	0	1	3	0	0	0	0	0
	A	12	7	5	30	54	1	1	0	1	3
	B	40	21	9	48	118	0	2	0	7	9
	C	14	13	5	46	78	1	3	0	1	5
Subtotal		67	42	19	125	253	2	6	0	9	17
P <sub>3</sub>	S	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	A	1	0	1	9	11	0	0	0	0	0
	B	6	2	5	30	43	0	0	0	13	13
	C	9	2	4	41	56	0	0	0	7	7
Subtotal		16	4	10	80	110	0	0	0	20	20
P <sub>4</sub>	S	0	3	1	3	7	0	0	1	0	1
	A	2	0	0	5	7	2	1	0	3	6
	B	2	1	4	15	22	8	6	1	13	28
	C	5	0	1	25	31	0	0	0	7	7
Subtotal		9	4	6	48	67	10	7	2	23	42
P <sub>5</sub>	S	1	1	0	1	3	0	0	0	0	0
	A	4	1	1	3	9	0	1	1	0	2
	B	8	2	3	20	33	1	0	0	3	4
	C	11	6	3	20	40	0	0	0	0	0
Subtotal		24	10	7	44	85	1	1	1	3	6
P <sub>6</sub>	S	0	0	0	1	1	0	1	0	1	2
	A	1	1	0	10	12	0	0	0	1	1
	B	4	3	2	12	21	1	0	0	0	1
	C	8	1	0	13	22	1	0	0	3	4
Subtotal		13	5	2	36	56	2	1	0	5	8
Total		184	86	54	396	720	36	17	5	64	122

**Anexo IV. Número de progenies logradas para reemplazo, por rebaño evaluado con sus respectivos parámetros**

Rebaño	Empadradas (100%)	Natalidad (52% - 37%)	Mortalidad (5%)	Progenies (100%)	Proporción de selección (70% - 90%)	Saca de alpacas
P <sub>1</sub>	140	73	4	69	48	21
P <sub>2</sub>	110	57	3	54	38	16
P <sub>3</sub>	266	138	7	131	92	39
P <sub>4</sub>	134	70	4	66	46	20
P <sub>5</sub>	42	16	1	15	13	1
P <sub>6</sub>	55	20	1	19	17	2

**Anexo V. Número de progenies para reemplazo en el plantel y majada, en cada rebaño estudiado**

Rebaño	Obtenidos	♀ Plantel	♂ Plantel	♂ Majada	Total	Saca
R <sub>1</sub>	69	19 (27.5%)	3 (4.4%)	26 (37.7%)	48	21
R <sub>2</sub>	54	15 (27.8%)	2 (3.7%)	20 (37.0%)	37	17
R <sub>3</sub>	132	37 (28.0%)	6 (4.6%)	50 (37.9%)	92	40
R <sub>4</sub>	66	18 (27.3%)	3 (4.6%)	25 (37.9%)	46	20
R <sub>5</sub>	15	8 (53.3%)	1 (6.7%)	5 (33.3%)	14	1
R <sub>6</sub>	19	10 (52.6%)	1 (5.3%)	6 (31.58%)	17	2
Total	355	107(30.1%)	16 (4.5%)	136 (38.3%)	254	101

## Anexo VI. Códigos Fortran 95 para simular genealogía

```

implicit double precision(a-h,o-z)

100  format(F5.2)
200  format(I5,A2,I2,A2,F5.2)
300  format(3I6,2I2)
400  format(I5)
      real, dimension(6020) :: uu,ee,yy
      integer, dimension(6020) :: padre,
madre
      integer, dimension (6020,2) :: pd
      open(12, file="hijos.txt")
      open(13, file="animal.txt")
      open(14, file="ped.txt")
      open(15, file="u.txt")
      open(16, file="v.txt")
      open(17, file="y.txt")
      amedia=23
!Digital datos
      write(*,*)'digital numero de padres'
      read(*,*) NP
      write(*,*)'digital numero de madres'
      read(*,*) NM
      write(*,*)'digital numero de hijos'
      read(*,*) NH
      write(*,*)'digital media fenotipica'
      read(*,*) amedia
      write(*,*)'digital          varianza
fenotipica'
      read(*,*) VP
      write(*,*)'digital heredabilidad'
      read(*,*) H2
!Digital semilla
      write(*,*)'digital semilla'
      read(*,*) X1
      VA=VP*H2
      DA=SQRT(VA)
      DAH=SQRT(0.5*VA)
      VE=VP-VA
      DE=SQRT(VE)
!Simular padres
      do I=1,NP
          call Gaus(X1,Z)
          call Gaus(X1,Z1)

          u=Z*DA
          e=Z1*DE
          y=amedia+u+e
          uu(I)=u
          ee(I)=e
          yy(I)=y
          print *, I,u,e,y
          print *
          write(13,200) I, " ",1," ",y
          write(15,100) u
          write(16,100) e
          write(17,100) y
          end do
!Simular madres
      do I=NP+1,NP+NM
          call Gaus(X1,Z)
          call Gaus(X1,Z1)
          u=Z*DA
          e=Z1*DE
          y=AMEDIA+u+e
          uu(I)=u
          ee(I)=e
          yy(I)=y
          print *, I,u,e,y
          print *
          write(13,200) I, " ",1," ",y
          write(15,100) u
          write(16,100) e
          write(17,100) y
          end do
!Simular pedigree
      do i=1,NP
          write(14,300) i,0,0,1,0
          pd(i,1)=0
          pd(i,2)=0
      end do
      do i=NP+1,NP+NM
          write(14,300) i,0,0,2,0
          pd(i,1)=0
          pd(i,2)=0
      end do
          do i=1,NH
              ind=NP+NM+i
              call unif(x1,z)
              ifa=int(z*NP+1)
              call unif(x1,z)
              imo=int(z*NM+1)+NP
              write(14,300)          ind,ifa,imo,2-
mod(i,2),1
              pd(ind,1)=ifa

```

```

        pd(ind,2)=imo
    end do
!Similar hijos
    do I=NP+NM+1,NP+NM+NH
        call Gaus(X1,Z)
    call Gaus(X1,Z1)
        m=Z*DAH
    up=uu(pd(I,1))
    um=uu(pd(I,2))
    u=(up/2)+(um/2)+m
    e=Z1*DE
        y=Amedia+u+e
        uu(I)=u
    ee(I)=e
    yy(I)=y
    print *, I,up,um,u,e,y
    print *
    write(12,100) y
    write(13,200) I, " ",1," ",y
    write(15,100) u
    write(16,100) e
    write(17,100) y
    end do
    stop
    end
    subroutine Gaus(X1,ZZ)
    implicit double precision(a-h,o-z)
    CALL UNIF(X1,Z)
    CALL UNIF(X1,Z1)
    ZZ=(((2)*DLOG(Z))**.5)*(COS(2*3.14596*
Z1))
    return
    end subroutine
    subroutine unif(x1,u)
!    generacion
    u[0,1]
!    x1 = la semilla
    implicit double precision(a-h,o-z)
    divis=2.**31.-1.
    trans=7**5

```



**Anexo VII. Valores de medias y varianzas usadas para la simulación de fundadores**

Plantel	DF		PVS	
	$\bar{X}_{DF}$	$\sigma^2_{DF}$	$\bar{X}_{PVS}$	$\sigma^2_{PVS}$
P <sub>1</sub>	22.95	5.21	2.45	0.27
P <sub>2</sub>	20.05	4.36	1.79	0.11
P <sub>3</sub>	24.86	9.77	2.27	0.29
P <sub>4</sub>	25.34	1.55	3.21	0.09
P <sub>5</sub>	23.85	2.74	2.32	0.12
P <sub>6</sub>	25.64	9.07	2.85	0.63
Total	23.78	5.45	2.48	0.25