

RESUMEN

Autor [Pajares Chirre, W.B](#)
Autor corporativo [Universidad Nacional Agraria La Molina, Lima \(Peru\). Facultad de Ciencias](#)
Título [Análisis de la variabilidad genética de las llamas \(Lama glama\) de la Estación Experimental Agraria Santa Ana - INIA utilizando la región control del DN mitocondrial](#)
Impreso Lima : UNALM, 2018

Copias

Ubicación	Código	Estado
Sala Tesis	L10. P35 - T	USO EN SALA
Descripción	76 p. : 25 fig., 7 tablas, 85 ref. Incluye CD ROM	
Tesis	Tesis (Biólogo)	
Bibliografía	Facultad : Ciencias	
Sumario	Sumarios (En, Es)	
Materia	LLAMA VARIACION GENETICA MARCADORES GENETICOS ADN MITOCONDRIAL CONSERVACION BIOLOGICA EVALUACION PERU VARIABILIDAD GENETICA ESTACION EXPERIMENTAL AGRARIA SANTA ANA - INIA EL TAMBO (DIST) HUANCAYO (PROV) JUNIN (DPTO)	
Nº estándar	PE2018000635 B / M EUVZ L10	

El presente trabajo evaluó la variabilidad genética mitocondrial en las llamas (Lama glama) provenientes de la Estación Experimental Agraria Santa Ana (EEASA) del Instituto Nacional de Innovación Agraria (INIA) en Junín. La extracción del ADN se realizó a partir de folículos pilosos provenientes de 20 individuos, se amplificó un segmento de la región control en el ADN mitocondrial utilizando los cebadores: LThr ARTIO y H15998. Los productos de la amplificación fueron secuenciados y se logró obtener la información genética de 18 de los 20 individuos muestreados. A partir de estas secuencias se analizó la variabilidad genética, también se compararon las secuencias obtenidas con secuencias de llamas provenientes del Centro de Investigación y Producción Quimsachata (CIPQ) del INIA en Puno y con secuencias de llamas de Perú y Ecuador depositadas en el GenBank. A partir de las 18 secuencias se identificaron 8 haplotipos. Los individuos presentaron una considerable diversidad haplotípica (H_d) de 0,791 y una baja diversidad nucleotídica (π) de 0,00465. La red de haplotipos no mostró una topología definida, sin embargo al construirla junto con las otras secuencias se observa una tipología tipo estrella. La información obtenida en el presente trabajo podría servir de apoyo en cuanto a la toma de decisiones respecto al manejo de los individuos de la estación así como para establecer planes de conservación eficientes.

Abstract

The mitochondrial genetic variability in llamas from the Santa Ana Agricultural Experimental Station (EEASA) of the National Institute of Agrarian Innovation (INIA) in Junin was assessed. The DNA extraction was performed from hair follicles from 20 individuals, a segment of the control region in the mitochondrial DNA was amplified using primers: LTHR ARTIO and H15998. The amplification products were sequenced and genetic information of 18 individuals out of 20 sampled was obtained. From these sequences the genetic variability was analyzed, the sequences obtained were also compared with llama sequences from the Quimsachata Center for Research and Production (CIPQ) INIA in Puno and llamas sequences from Peru and Ecuador. 8 haplotypes were identified from 18 sequences. The individuals had a considerable haplotype diversity (H_d) of 0.791 and a low nucleotide diversity (π) of 0.00465. The haplotype network did not show a defined topology, however, when constructed along with other sequences a star-like topology was observed. The information obtained in this study could bring support to the decision maker regarding the management of individuals from the station and in establishing efficient conservation plans.