

RESUMEN

Autor [Mamani Mondragón, C.V.](#)
Autor corporativo [Universidad Nacional Agraria La Molina, Lima \(Peru\). Escuela de Posgrado, Maestría en Producción Animal](#)
Título **Mapa físico de polimorfismos de nucleótido simple en alpaca (Vicugna pacos) usando un panel de células híbridas irradiadas alpaca/hámster**
Impreso Lima : UNALM, 2018

Copias

Ubicación	Código	Estado
Sala Tesis	L10. M353 - T	EN PROCESO
Descripción	60 p. : 7fig., 5 tablsa, 63 ref. Incluye CD ROM	
Tesis	Tesis (Mag Sc)	
Bibliografía	Posgrado : Producción Animal	
Sumario	Sumarios (En, Es)	
Materia	ALPACA POLIMORFISMO GENETICO NUCLEOTIDOS HAMSTER CODIGO GENETICO MAPAS GENETICOS MARCADORES GENETICOS MEJORAMIENTO ANIMAL BIOTECNOLOGIA ANIMAL TECNICAS ANALITICAS EVALUACION PERU MAPA FISICO DE MARCADORES PNSS PANEL CELULAR HIBRIDO IRRADIADO ALPACA/HAMSTER MICROMATRIZ	
Nº estándar	PE2018000756 B 7 M EUVZ L10	

El objetivo del presente trabajo de investigación fue desarrollar un mapa físico de polimorfismos de nucleótido simple (PNSs) en alpaca usando un panel celular híbrido irradiado alpaca/hámster y una micromatriz de genotipado de alta densidad de bovino. Los objetivos específicos fueron: a) identificar los PNSs de la micromatriz de alta densidad de bovinos detectados solo en ADN de alpaca y ausentes en el ADN de hámster; b) determinar las distancias entre grupos de PNSs coheredados en el panel de células híbridas irradiadas alpaca/hámster; y, c) determinar la localización cromosómica de los grupos ligados de PNSs. Se genotiparon las 96 muestras de ADN presentes en el panel (92 clones celulares híbridos alpaca/hámster, 2 muestras de alpaca, 1 muestra de hámster, 1:10 muestra alpaca/hámster) evaluadas con los programas GenomeStudio, R y Excel. Los PNSs identificados con la micromatriz en el ADN de alpaca se analizaron con el programa Carthagene para identificar los grupos de ligamiento. Los grupos ligados fueron ubicados en la base de datos VicPac 2.0.2, aplicando el programa Blast y el comando ShortBlast, en la plataforma Galaxy. Se identificó un 50,686 PNSs del total de polimorfismos de nucleótido simple, analizados en la micromatriz de bovino, presentes en el genoma de la alpaca y ausentes en el genoma del hámster; se determinaron 33 grupos de ligamiento, con un total de 216 PNSs, con distancias calculadas que oscilaron entre 65.3 y 671.9 cR, con un LOD>3.0; y, se halló la secuencia de 31 PNSs en el VicPac 2.0.2, y se infirió la localización de tres PNSs (1BovineHD0100027068, 8BovineHD0600011684 y 13BovineHD1100019948) en los cromosomas 1, 2 y 4 de alpaca.

Abstract

The aim of this research study was to develop a physical map of single nucleotide polymorphisms (SNPs) in alpaca using the alpaca/hamster radiation hybrid panel and a Bovine high-density SNP genotyping microarray. The specific objectives were: a) to identify SNPs on the bovine microarray present only in alpaca DNA and absent in hamster DNA; b) to determine the distances between SNP groups co-inherited in the alpaca/hamster radiation hybrid panel and; c) to determine the chromosomal location of the SNP linked groups. The 96 DNA samples present in the panel were genotyped (92 hybrid cells clones, 2 alpaca samples, 1 hamster sample, 1:10 alpaca/hamster sample) and were evaluated with the GenomeStudio, R and Excel programs. The SNPs found in alpacas were analyzed with the Carthagene software to identify linkage groups. These linked groups were located in the VicPac 2.0.2 database using the Blast software and the ShortBlast command with the help of the Galaxy platform. A total of 50,686 SNPs from the bovine microarray were detected in the alpaca genome and absent in the hamster genome. Thirty-three linkage groups that include 216 SNPs were identified. Their calculated distances that ranged between 65.3 and 671.9 cR, with a LOD > 3.0. The sequence of 31 of these SNPs was found in the VicPac 2.0.2 and the location of 3 SNPs (1BovineHD0100027068, 8BovineHD0600011684 and 13BovineHD1100019948) was inferred to be on alpaca chromosomes 1, 2 and 4.