

RESUMEN

Autor [Valladares Delgado, R.J.](#)

Autor corporativo [Universidad Nacional Agraria La Molina, Lima \(Peru\). Facultad de Ciencias](#)

Título **Caracterización molecular de dos poblaciones de cuyes nativos (*Cavia porcellus*) de Cuzco y Puno utilizando marcadores STR**

Impreso Lima : UNALM, 2019

Copias

Ubicación	Código	Estado
Sala Tesis	L10. V17 - T	USO EN SALA
Descripción	97 p. : 29 fig., 18 tablas, 74 ref. Incluye	
Tesis	Tesis (Biólogo)	
Bibliografía	Facultad : Ciencias	
Sumario	Sumarios (En, Es)	
Materia	COBAYA VARIACION GENETICA BIODIVERSIDAD RECURSOS GENETICOS MARCADORES GENETICOS CRITERIOS DE SELECCION EVALUACION PERU CUYES NATIVOS CARACTERIZACION MOLECULAR MARCADORES STR REGION CUZCO REGION PUNO	
Nº estándar	PE202000041 B / M EUVZ L10	

El cuy doméstico es un recurso genético importante para las comunidades alto andinas del Perú, puesto que sirve como sustento económico y alimentario. El objetivo de este estudio fue estimar la variabilidad genética y estructura genética de dos regiones andinas del sur del Perú (Puno y Cuzco). Se evaluaron 193 muestras de folículos pilosos pertenecientes a las dos regiones Puno (66) y Cusco (127), mediante el análisis de 10 marcadores microsatélites fluoromarcados con cola M13. Se encontraron un total de 104 alelos en un rango

de 6 a 17. El mayor número se encontró en el locus Cavy11 (17) y el menor en el locus MSV (6). El promedio del número de alelos para las regiones de Cusco y Puno fue 7.3 y 9.9 respectivamente. La H_e (0.764) promedio fue mayor a la H_o (0.616), indicando un déficit de heterocigotos. En la población de Puno y Cuzco el marcador Cuy05 presentó desviación del equilibrio de Hardy-Weinberg. Tres marcadores (Cuy07, Cavy03 y Cuy16) presentaron un alto porcentaje de alelos nulos. El PIC fue igual a 0.73, indicando que los loci seleccionados son útiles en estudios genéticos de Cavia. La diversidad de Nei resultó de 0.77 lo cual indica valores altos de diversidad en los loci. Los estadísticos F mostraron una baja diferenciación genética entre las dos poblaciones estudiadas (0.027). El coeficiente de endogamia (FIS) promedio fue de 18.9 por ciento, esto nos indica un bajo nivel de estructuración y un flujo genético entre las dos poblaciones. La distancia genética nos muestra que existen agrupamientos entre los individuos de las poblaciones estudiadas. Los cuyes nativos de las dos regiones presentan un alto nivel de variabilidad genética a pesar de poseer alto grado de endogamia, probablemente causada por la erosión genética de estos cuyes nativos peruanos, estos resultados son importantes para conocer su diversidad y aplicarla para tomar decisiones en cuanto a conservación de este recurso genético.

ABSTRACT

Domestic guinea pig is an important genetic resource for the high Andean communities of Peru, since it serves as an economic and food support. The objective of this study was to estimate the genetic variability and genetic structure of two Andean regions of southern Peru (Puno and Cuzco). A total of 193 samples of hair follicles belonging to the two regions of Puno (66) and Cusco (127) were evaluated by analyzing 10 microsatellite markers fluorowatted with M13 tail. A total of 104 alleles were found in a range of 6 to 17. The largest number was found in the Cavy11 locus (17) and the lowest in the MSV locus (6). The average number of alleles for the regions of Cusco and Puno was 7.3 and 9.9 respectively. The H_e (0.764) average was greater than the H_o (0.616), indicating a deficit of heterozygotes. In the population of Puno and Cuzco, the Cuy05 marker showed deviation from the Hardy-Weinberg equilibrium. Three markers (Cuy07, Cavy03 and Cuy16) had a high percentage of null alleles. The PIC was equal to 0.73, indicating that the selected loci are useful in Cavia genetic studies. The diversity of Nei was 0.77 which indicates high values of diversity in the loci. The F statistics showed a low genetic differentiation between the two populations studied (0.027). The average inbreeding coefficient (FIS) was 18.9 percent, this indicates a low level of structuring and a genetic flow between the two populations. The genetic distance shows us that there are groupings among the individuals of the populations studied. The native guinea pigs of the two regions have a high level of genetic variability despite having a high degree of inbreeding, probably caused by the genetic erosion of these Peruvian native

guinea pigs, these results are important to know their diversity and apply it to make decisions as soon as possible. to conservation of this genetic resource.