

**UNIVERSIDAD NACIONAL AGRARIA
LA MOLINA**

**ESCUELA DE POSGRADO
MAESTRÍA EN PRODUCCIÓN ANIMAL**



**“GANANCIAS GENÉTICAS EN PROGRAMAS DE
SELECCIÓN GENÓMICA DE ALPACAS HUACAYA”**

Presentada por:

JORGE HUMBERTO SEDANO PLAZA

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

















Lima – Perú

2023

Document Information

Analyzed document	TESIS - JORGE SEDANO.docx (D140997003)
Submitted	6/22/2022 1:57:00 PM
Submitted by	Gustavo A. Gutierrez Reynoso
Submitter email	gustavogr@lamolina.edu.pe
Similarity	12%
Analysis address	gustavogr.unalm@analysis.arkund.com

Sources included in the report

SA	Universidad Nacional Agraria La Molina / tesis Osnayo 08-06.pdf Document tesis Osnayo 08-06.pdf (D140453541) Submitted by: emellisho@lamolina.edu.pe Receiver: emellisho.unalm@analysis.arkund.com	 4
SA	CAÑARI Adrian.docx Document CAÑARI Adrian.docx (D43937423)	 7
SA	Universidad Nacional Agraria La Molina / Porcentaje de medulación en vellones 1 esquila en alpacas Huacaya. vers 2 (1).docx Document Porcentaje de medulación en vellones 1 esquila en alpacas Huacaya. vers 2 (1).docx (D140970794) Submitted by: gustavogr@lamolina.edu.pe Receiver: gustavogr.unalm@analysis.arkund.com	 4
SA	06Yacobaccio2010.pdf Document 06Yacobaccio2010.pdf (D14606935)	 1
W	URL: https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC8614529/pdf/animals-11-03052.pdf .Mamani, Fetched: 6/22/2022 1:58:00 PM	 18
SA	Veronica Flores Alca Borrador.pdf Document Veronica Flores Alca Borrador.pdf (D95001915)	 5
SA	Artículo.docx Document Artículo.docx (D40547742)	 2
SA	14 Recuperación de la biodiversidad de las alpacas de color en la puna seca de la r egión de Tacna.docx Document 14 Recuperación de la biodiversidad de las alpacas de color en la puna seca de la r egión de Tacna.docx (D50264866)	 2
SA	TRABAJO DE TITULACION BYRON AUCANCELA.docx Document TRABAJO DE TITULACION BYRON AUCANCELA.docx (D14983436)	 3
W	URL: https://1library.co/article/literatura-citada-correlaciones-entre-las-variables.yr389jvy Fetched: 6/22/2022 1:58:12 PM	 2
W	URL: https://www.researchgate.net/publication/348403910_Impact_of_cria_protection_strategy_on_post-natal_survival_and_growth_of_alpacas_Vicugna_pacos Fetched: 9/2/2021 10:41:17 PM	 1
SA	1598932924_87__Escobar_y_Montachana_28-08-2020.docx Document 1598932924_87__Escobar_y_Montachana_28-08-2020.docx (D79962978)	 1
SA	PROYECTO FEDU CABRERA NÚÑEZ MARÍA 2022(3) (2)firmas.docx Document PROYECTO FEDU CABRERA NÚÑEZ MARÍA 2022(3) (2)firmas.docx (D137543351)	 1
SA	FINURA Y MEDULACIÓN ROGER CUTIRI.docx Document FINURA Y MEDULACIÓN ROGER CUTIRI.docx (D54706432)	 1
W	URL: http://www.wcgalp.org/proceedings/2018/genetic-parameters-fleece-weight-and-fibre-characteristics-huacaya-alpacas.Mrode , Fetched: 6/22/2022 1:58:00 PM	 2
SA	TESIS_PERCY_WALDIR_MAMANI_MAMANI.docx Document TESIS_PERCY_WALDIR_MAMANI_MAMANI.docx (D82246832)	 1

Entire Document

GANANCIAS GENÉTICAS EN PROGRAMAS DE SELECCIÓN GENÓMICA DE ALPACAS HUACAYA*
Presentado por:
JORGE HUMBERTO SEDANO PLAZA
PATROCINADOR
Dr. Leyfeng Alan Cruz Camacho CO-PATROCINADOR
Mg.Sc. Enrique Alvarado Malca Mg.Sc. María Elisa García Salas MIEMBRO MIEMBRO DEDICATORIA

**UNIVERSIDAD NACIONAL AGRARIA
LA MOLINA**

**ESCUELA DE POSGRADO
MAESTRÍA EN PRODUCCIÓN ANIMAL**

**“GANANCIAS GENÉTICAS EN PROGRAMAS DE
SELECCIÓN GENÓMICA DE ALPACAS HUACAYA”**

**TESIS PARA OPTAR EL GRADO DE
MAGISTER SCIENTIAE**

Presentada por:

JORGE HUMBERTO SEDANO PLAZA

Sustentada y aprobada ante el siguiente jurado:

Ph.D. Jorge Pedro Calderón Velásquez
PRESIDENTE

Ph.D. Gustavo Gutiérrez Reynoso
ASESOR

Dr. Leyfeng Alan Cruz Camacho
CO-ASESOR

Mg.Sc. Enrique Alvarado Malca
MIEMBRO

Mg.Sc. María Elisa García Salas
MIEMBRO

DEDICATORIA

A mis padres: Edgardo y Eloísa que están en el cielo por sus grandes ejemplos.

A mi pareja: Sandra Cintya, por su compañía y afecto en todo momento.

Y a cada amistad con la que he disfrutado en este camino.

AGRADECIMIENTOS

Al CONCYTEC-FONDECYT por el financiamiento de este trabajo de investigación a través del Proyecto Imagen: Innovación en la mejora genética altoandina: alpacas y llamas (Contrato N° 029-2019-FONDECYT-BM-INC.INV).

Al Dr. Gustavo Gutiérrez, mi asesor, por su constante guía, y por darme la oportunidad de aprender en base a su experiencia.

Al Dr. L. Alan Cruz, mi co-asesor, por su gran apoyo, consejos y confianza para poder llevar a cabo esta investigación.

A la Dra. María Wurzinger, por su constante guía, y por darme la oportunidad de aprender en base a su experiencia.

Al Dr. Jorge Calderón, Mg.Sc. Enrique Alvarado, y la Mg.Sc. María Elisa García, miembros del jurado, por sus buenas sugerencias y apreciaciones de este trabajo.

A la plana docente del programa de Maestría, por sus valiosas enseñanzas.

A mis compañero del Proyecto Imagen.

A mi Familia y a amigos por ser parte de todo el proceso, y sentirse siempre orgullosos de mí y de mi esfuerzo.

ÍNDICE GENERAL

I.	INTRODUCCIÓN.....	1
II.	REVISIÓN DE LITERATURA.....	3
2.1	LA ALPACA.....	3
2.1.1	Clasificación taxonomía.....	3
2.1.2	Distribución geográfica de la alpaca en el Perú.....	4
2.1.3	Característica de la fibra.....	4
2.2.	PARÁMETROS GENÉTICOS DE LAS CARACTERÍSTICAS DE LA FIBRA.....	6
2.2.1	Índice de herencia del diámetro de la fibra.....	7
2.2.2	Índice de herencia del porcentaje de medulación.....	7
2.2.3	Correlaciones genéticas entre el diámetro de la fibra y el porcentaje de medulación.....	7
2.3	MÉTODOS DE EVALUACIÓN GENÉTICA.....	7
2.3.1	Mejor predictor lineal insesgado.....	7
2.3.2	Selección genómica.....	8
2.4	SIMULACIÓN DE ESTRATEGIAS DE MEJORAMIENTO GENÉTICO	11
III.	MATERIALES Y MÉTODOS.....	13
3.1	LUGAR	13
3.2	ESCENARIO DE SIMULACIÓN.....	13
3.3	CÁLCULO DE LA PRECISIÓN DEL MÉRITO GENÓMICO PARA EL DF Y EL PM.....	19
IV.	RESULTADOS Y DISCUSIÓN.....	20
4.1	GANANCIAS GENÉTICAS.....	20
4.2	COMPARACIÓN DE LAS GANANCIAS GENÉTICAS ANUALES PARA EL DIÁMETRO DE FIBRA Y PARA EL PORCENTAJE DE MEDULACIÓN EN LOS CUATRO ESCENARIOS.....	22
V.	CONCLUSIONES.....	25
VI.	RECOMENDACIONES.....	26
VII.	REFERENCIA BIBLIOGRÁFICA.....	27

ÍNDICE DE TABLAS

	Pag
Tabla 1: Población de alpacas, por región natural (en miles).....	4
Tabla 2: Variación del diámetro de fibra, desviación estándar y coeficiente de variación según la edad de las alpacas.....	6
Tabla 3: Descripción de los cuatro escenarios.....	14
Tabla 4: Parámetros de entrada para la simulación.....	15
Tabla 5: Heredabilidad (diagonal), correlaciones genéticas (arriba de la diagonal) y correlaciones fenotípicas (debajo de la diagonal).....	15
Tabla 6: Flujo de genes de la población.....	18
Tabla 7: Ponderaciones para el diámetro de fibra (DF) y para el porcentaje de medulación (PM) en los cuatro escenarios simulados.....	18
Tabla 8: Ganancias genéticas anuales para el diámetro de fibra (DF) y para el porcentaje de medulación (PM), en los cuatro escenarios simulados.....	20

ÍNDICE DE FIGURAS

	Pag
Figura 1: Flujo de producción de machos y hembras seleccionados por año.....	16
Figura 2: Mapa de estructura de la población.....	17

RESUMEN

Los programas de mejoramiento genético bien diseñados de alpacas son una forma de mejorar la calidad de la fibra a largo plazo. Hasta el momento, el Perú no cuenta con un programa nacional de alpacas, pero existen diferentes iniciativas de empresas privadas, organismos no gubernamentales y asociaciones de criadores. Todos ellos tienen en común la mejora de la calidad de la fibra al reducir su diámetro. La implementación de la selección genética podría fortalecer aún más los programas de mejoramiento. Por lo tanto, este estudio tuvo como objetivo evaluar las ganancias genéticas predichas de la selección genómica en alpacas Huacaya comparando la ganancia genética del diámetro de la fibra (DF) y el porcentaje de medulación (PM) utilizando la metodología del mejor predictor lineal insesgado (BLUP) y el mejor predictor lineal insesgado genómico de un solo paso (ss-GBLUP). Para la simulación se utilizó el programa ZPLAN + y se tomó como referencia la base de datos de alpacas de la Estación de Investigación Científica Pacamarca. Se compararon cuatro escenarios. En el escenario 1, se utilizó el método BLUP para predecir la respuesta directa de DF a la selección y la respuesta correlacionada para PM. En el escenario 2, el objetivo de mejoramiento fue PM, y DF se puso como un rasgo correlacionado, y se aplicó el método BLUP. El escenario 3 utilizó el método ss-GBLUP para predecir la respuesta directa de DF y la respuesta correlacionada de PM. Mientras que en el escenario 4 se utilizó el método ss-GBLUP para predecir la respuesta directa a la selección de PM y la respuesta correlacionada de DF. Las ganancias genéticas para el DF por año fueron: $-0.21 \mu\text{m}$, $-0.13 \mu\text{m}$, $-0.25 \mu\text{m}$ y $0.16 \mu\text{m}$ en los escenarios 1, 2, 3 y 4, respectivamente. Las ganancias genéticas anuales para PM fueron: -0.68 por ciento, -1.07 por ciento, -0.85 por ciento y -1.26 por ciento en los escenarios 1, 2, 3 y 4, respectivamente. La precisión del índice de selección fue 0.69, 0.60, 0.76 y 0.66 para los escenarios 1, 2, 3 y 4, respectivamente. En conclusión, la información genómica tiene un impacto favorable porque aumenta la ganancia genética por diámetro de fibra y porcentaje de medulación.

Palabras claves: Alpaca, selección genómica, ganancia genética, simulación, diámetro, medulación.

ABSTRACT

Well-designed breeding programs for alpacas are one way to improve fiber quality in the long term. So far, Peru does not have a national program for alpacas, but there are different initiatives from private companies, non-governmental organizations and breeder associations. All of them have in common the improvement of the quality of the fiber by reducing its diameter. The implementation of genetic selection could further strengthen breeding programs. Therefore, this study aimed to evaluate the predicted genetic gains of genomic selection in Huacaya alpacas by comparing the genetic gain of fiber diameter (DF) and percentage medullation (PM) using the best linear unbiased predictor methodology (BLUP) and the best one-step genomic linear unbiased predictor (ss-GBLUP). For the simulation, the ZPLAN + program was used and the alpacas database of the Pacamarca Scientific Research Station was taken as a reference. Four scenarios were compared. In scenario 1, the BLUP method was used to predict the direct response of DF to selection and the correlated response for PM. In scenario 2, the breeding target was PM, and DF was put as a correlated trait, and the BLUP method was applied. Scenario 3 used the ss-GBLUP method to predict the direct response of DF and the correlated response of PM. While in scenario 4 the ss-GBLUP method was used to predict the direct response to the selection of PM and the correlated response of DF. The genetic gains for the DF per year were: $-0.21 \mu\text{m}$, $-0.13 \mu\text{m}$, $-0.25 \mu\text{m}$ and $0.16 \mu\text{m}$ in scenarios 1, 2, 3 and 4, respectively. The annual genetic gains for PM were: -0.68 percent, -1.07 percent, -0.85 percent, and -1.26 percent in scenarios 1, 2, 3, and 4, respectively. The accuracy of the selection index was 0.69, 0.60, 0.76, and 0.66 for scenarios 1, 2, 3, and 4, respectively. In conclusion, genomic information has a favorable impact because it increases the genetic gain per fiber diameter and percentage of medullation.

Keywords: Alpaca, genomic selection, genetic gain, simulation, diameter, medullation.

I. INTRODUCCIÓN

El Perú es el país que posee la mayor población de alpacas en el mundo seguida de Bolivia (FAO 2005). Según el último Censo Nacional Agropecuario se indica que el país alberga 3'685,516 cabezas de alpacas. El 99 por ciento de la población de alpacas se encuentra bajo la tenencia de pequeños productores altoandinos y el 1 por ciento en medianas y grandes empresas, asociaciones y cooperativas (INEI 2012).

Las poblaciones de alpacas se encuentran en 18 de los 24 departamentos, siendo Puno el que cuenta con el mayor número de alpacas (58.5 por ciento), le sigue Cusco (11.4 por ciento), Arequipa (9.4 por ciento), Huancavelica (6.8 por ciento) y Ayacucho (4.6 por ciento) y el resto se encuentra distribuido en los demás departamentos (MINAGRI 2019). La mayor concentración de alpacas se encuentra en la sierra del país, siendo la raza Huacaya la que tiene mayor población (78.9 por ciento) (INEI 2012).

Perú es considerado el primer productor de fibra de alpaca a nivel mundial, por tener la mayor población de alpacas (MINAGRI 2019). En el 2018 la producción de fibra alcanzó las 4500 toneladas a nivel nacional, de las cuales el 90 por ciento fue para el mercado de exportación y el 10 por ciento para el mercado nacional (principalmente para la artesanía). Los principales destinos son Italia, China, Japón, Corea del Sur y Taiwán (MINAGRI 2018).

La fibra de la alpaca se clasifica en diferentes clases comerciales en función a su calidad como Alpaca Súper Baby (Igual o menor a 20 μm), Alpaca Baby (20.1 a 23 μm), Alpaca Fleece (23.1 a 26.5 μm), Alpaca Medium Fleece (26.6 a 29 μm), Alpaca Huarizo (29.1 a 31.5 μm), Alpaca Gruesa (Más de 31.5 μm) (INACAL 2014). La fibra de menor diámetro es muy cotizada en el mercado siendo muy requerida por la industria textil (Allain & Renieri 2010).

La mayor población de alpacas se encuentra en tenencia de los pequeños productores altoandinos y debido a diversos problemas como los bajos recursos económicos, problemas de salud con los animales, pasturas con bajo porcentaje de proteína y la falta de un programa de mejora genética, hacen que tengan muchas deficiencias en su producción (Quispe 2005).

La importancia de los programas de mejora genética es cambiar el valor genético medio de una población de alpacas de una determinada característica con el propósito de aumentar las ganancias económicas en los productores altoandinos (Fundación Suyana 2010).

Perú no cuenta con un programa nacional de mejoramiento genético de alpacas pero sí con la iniciativa de empresas individuales privadas, Organismos No Gubernamentales y asociaciones de criadores que tienen en común mejorar la calidad de la fibra reduciendo su diámetro (Quina *et al.* 2015; Gutiérrez *et al.* 2019). Muchos de estos actores han implementado evaluaciones genéticas usando el modelo animal BLUP (Mejor predictor lineal insesgado) y debido a que estas iniciativas se encuentran muy aisladas no hay un vínculo genético entre ellas. Algunas de ellas han logrado mediante el mejoramiento genético reducir el diámetro de la fibra de 22.5 a 18.4 micras en un lapso de 10 años, esto fue reportado por el Fundo Pacamarca (Cruz 2017). Sin embargo se requiere mayor esfuerzo, utilizar otras herramientas como la selección genómica que permite optimizar los programas de mejoramiento genético (Thomassen *et al.* 2014).

En tal sentido, esta investigación propuso como objetivo principal la evaluación de las ganancias genéticas predichas de la selección genómica en un programa del mejoramiento genético de alpacas Huacaya. Los objetivos específicos fueron: a) Calcular y comparar la ganancia genética de la selección genómica GBLUP con metodología de un solo paso (ss-GBLUP) versus modelo animal BLUP para el carácter diámetro de fibra en alpacas Huacaya mediante simulación, y b) Calcular y comparar la ganancia genética de la selección genómica GBLUP con metodología de un solo paso (ss-GBLUP) versus el modelo animal BLUP para el carácter porcentaje de medulación en alpacas Huacaya mediante simulación.

II. REVISIÓN DE LITERATURA

2.1. LA ALPACA

La alpaca es un integrante de los camélidos sudamericanos en cuanto se refiere a la producción de fibra (MINAGRI 2019). Por ello habría sido domesticada y seleccionada desde hace mucho tiempo (McGregor 2006). La fibra de alpaca es considerada como una fibra especial por las fábricas textiles, las confecciones que se hacen de ellas están clasificadas como prendas de lujo (McGregor 2006). Hay una importancia socio económica con respecto a la producción de fibra, pero no ha sido objeto de innovación en cuanto se refiere a producción y calidad de la fibra, esto debido a que los programas de mejoramiento genético tienen poco avance y limitado progreso genético (Quispe *et al.* 2009; Paucar 2019).

2.1.1. Clasificación taxonómica

Linnaeus en 1758 clasificó a la alpaca como *Camelus pacos*. Luego Cuvier en 1800 para describir a la llama y alpaca le propone el género *Lama*. Illiger en 1811 la denomina *auchenia* refiriéndose como auquénido a todos los camélidos. Ameghino en 1880 la denominó *auchenia sp*, el cual fue descartado y se mantuvo *Lama pacos* hasta el 2001 (Vilá 2012), cuando Kadwell *et al.* (2001) sugieren la reclasificación a *Vicugna pacos* debido a la relación filogenética cercana encontrada entre la alpaca y la vicuña.

Marín *et al.* (2007) indican que la procedencia de la llama y alpaca había sido durante mucho tiempo tema de discusión por la alta tasa de hibridación y los diversos inconvenientes de las interpretaciones por parte de los especialistas en el tema (Kadwell *et al.* 2001). La clasificación taxonómica de la alpaca según la base de datos NCBI Taxonomy está compuesta por el Reino: Animalia, Clase: Mammalia, Orden: Artiodactyla, Suborden: Tylopoda, Familia: Camélidos, Tribu: Lamini, Género: *Vicugna* y Especie: *pacos* (Shoch *et al.* 2020).

2.1.2. Distribución geográfica de la alpaca en el Perú

El Perú cuenta en la actualidad con 3'685,516 cabezas de alpacas según el último Censo Nacional Agropecuario (INEI 2012). Las alpacas están distribuidas en 18 de los 24 departamentos que tiene el país, siendo Puno el de mayor población de alpacas (58.5 por ciento), seguido de Cusco (11.4 por ciento), Arequipa (9.4 por ciento), Huancavelica (6.8 por ciento) y Ayacucho (4.6 por ciento) y el resto se encuentra distribuido en los otros 13 departamentos de nuestro país (MINAGRI 2019).

La mayor población de alpacas se encuentra en la región sierra representando casi el 100 por ciento. La población de alpacas Huacaya representa el 78.9 por ciento y la población de alpacas Suri el 12.0 por ciento (Tabla 1).

Tabla 1. Población de alpacas, por región natural (en miles)

Región	Total	Suri	Huacaya
Sierra	3685.0	441.9	2909.1
Costa	0.5	0.1	0.1
Total	3685.5	442.0	2909.2

Fuente: INEI (2012)

2.1.3. Características de la fibra

La fibra de alpaca presentan fibras finas, resistentes, suaves y largas (Pinares *et al.* 2019). Su finura oscila entre 18 a 36 micrones (Cruz 2017). Las características de la fibra de alpaca especialmente del tipo Huacaya son muy requeridas en la industria textil para la confección de prendas de vestir de alta calidad (Quispe *et al.* 2013), siendo las características como el diámetro y longitud de la fibra, uniformidad del diámetro las que determinan la calidad de la fibra (Quispe *et al.* 2013). Además, las características como el peso del vellón, el porcentaje de medulación y rizo son objetivos claves para una buena selección en la fibra (Renieri *et al.* 2004).

Diámetro promedio de la fibra

Uno de los parámetros que define la calidad es la finura, medida como el diámetro promedio de la fibra. Esta característica está relacionado con la edad, color de la capa, número de esquila, las condiciones nutricionales y la estacionalidad (Villaruel 1991; Frank *et al.* 2006; Cruz 2017). Existe una gran variabilidad en el diámetro de la fibra entre alpacas, como también en el mismo vellón del animal (Cruz 2017).

El promedio del diámetro de la fibra (μm), desviación estándar (μm) y coeficiente de variación (por ciento) varía con la edad con valores promedios de 22.16 μm , 5.42 μm , y de 24.64 por ciento (Pinares *et al.* 2019). Gutiérrez *et al.* (2011) indicaron que el diámetro de la fibra es de $23.05 \pm 4.23 \mu\text{m}$, obtenido de un conjunto de datos para diámetro de fibra correspondientes a 3257 cabezas de alpacas.

Porcentaje de Medulación

En la estructura medular se observa que no todas las fibras de alpaca son meduladas (Pinares *et al.* 2019; Cruz *et al.* 2019) y su forma está de acuerdo al diámetro de la fibra (Guillén 2019). Las fibras finas no poseen médula continua por lo general, pero si fragmentada, las que poseen médula son las fibras gruesas en toda su longitud el cual tiene diversas formas (ovoides, irregular, forma de S o T) (McColl 2004; Zoccola 2014).

A medida que se incrementa el diámetro de la fibra se incrementa el porcentaje de medulación (McGregor *et al.* 2013). Wang *et al.* (2005) encontraron que el porcentaje de medulación varía de 28 a 67 por ciento. Por otro lado, se ha reportado una correlación fenotípica positiva entre el porcentaje de medulación y el diámetro medio de fibra (Pinares *et al.* 2019).

Pinares *et al.* (2019) indicaron que el valor promedio de medulación total fue de 67.44 por ciento, mientras Hack *et al.* (1999) reportó un valor promedio de 69.3 por ciento en alpacas de Australia y Córdova (2015) reportó un promedio de 68 por ciento en alpacas machos del Ecuador.

Tabla 2. Variación del diámetro de la fibra, desviación estándar y coeficiente de variación según la edad de las alpacas

Edad (años)	Diámetro medio de la fibra (μm)	Desviación Estándar (μm)	Coficiente de variación (%)
0.4	22.48	4.31	18.82
0.5	21.48	5.08	23.56
1.4	19.98	5.15	26.09
1.5	20.39	5.17	25.35
1.6	21.83	5.00	22.91
2.4	20.88	5.26	25.22
2.6	19.13	5.22	27.29
3.4	25.70	4.65	18.09
3.6	20.45	5.60	27.60
4.4	20.70	6.23	30.08
5.5	24.35	5.40	22.15
5.7	20.74	4.89	23.58
6.4	24.71	5.95	24.08
6.5	26.46	6.35	24.00
6.8	26.07	6.78	26.02
7.3	27.63	6.79	24.57
7.6	22.67	5.35	23.60
9.2	27.56	7.27	26.38
9.5	23.88	5.41	22.65
10.4	26.30	6.22	23.65
Promedio	22.16	5.42	24.64

Fuente: Pinares *et al.* (2019)

2.2. PARÁMETROS GENÉTICOS DE LAS CARACTERÍSTICAS DE LA FIBRA

Se han reportado estimaciones de los parámetros genéticos para las características diámetro de la fibra (DF) y el porcentaje de medulación (PM) en alpacas.

2.2.1. Índice de herencia del diámetro de la fibra

El índice de herencia del diámetro de fibra reportado para poblaciones de alpacas en Australia (primera esquila) y Nueva Zelanda (varias esquilas) fue 0.67 y 0.73 respectivamente (Ponzoni *et al.* 1999; Wuliji *et al.* 2000). Para las alpacas peruanas se estimaron valores más bajos, entre 0.32 y 0.53 (Morante *et al.* 2009; Gutiérrez *et al.* 2009; Cervantes *et al.* 2010; Cruz 2011; Gutiérrez *et al.* 2014; Cruz *et al.* 2015; Pinares *et al.* 2018; Cruz *et al.* 2019). En estos estudios, se utilizó el modelo animal multicaracter con repetibilidad. Por el contrario, Aguilar *et al.* (2019) y More *et al.* (2018); reportaron un valor de 0.43 y 0.48, tomando datos solamente de la primera esquila. El índice de herencia para el diámetro de fibra es moderada y se espera una respuesta genética en la reducción del diámetro de fibra (Gutiérrez *et al.* 2009; Cruz 2011).

2.2.2. Índice de herencia del porcentaje de medulación

El índice de herencia del porcentaje de medulación reportado para las alpacas peruanas se estimó un valor de 0.23 (Cruz *et al.* 2019). Se utilizó el modelo animal multicaracter y se consideraron los datos de varias esquilas. Este valor es moderado y se espera que podría dar una respuesta genética, si es utilizado como criterio de selección (Cruz *et al.* 2019). El índice de herencia para el porcentaje de medulación estimado por Pinares *et al.* (2018) fue de 0.36 ± 0.13 para alpacas peruanas, el cual utilizó un modelo umbral continuo bivariado.

2.2.3. Correlación genética entre el diámetro de fibra y el porcentaje de medulación

Las correlación genética entre el diámetro de fibra y el porcentaje de medulación para las alpacas peruanas fue de 0.55 (Cruz *et al.* 2019). En este estudio se considera los datos de varias esquilas y se utilizó el modelo animal multicaracter. Este valor indica que hay una respuesta correlacionada favorable entre ambos caracteres (Cruz *et al.* 2019).

2.3. MÉTODOS DE EVALUACIÓN GENÉTICA

2.3.1. Mejor predictor lineal insesgado

El mejor predictor lineal insesgado (BLUP) fue desarrollado por Henderson (1949) mediante el cual predice el mérito genético y los efectos ambientales de forma

simultánea, utilizando información genealógica y fenotípica para un carácter o varios caracteres (Gutiérrez 2010; Clark y van der Werf 2013; Meuwissen *et al.* 2016). El mejor predictor lineal Insesgado se usa en la mayoría de las evaluaciones genéticas de los animales de granja (Mrode 2014). El BLUP nos permite mejorar la precisión de las evaluaciones genéticas cuando los caracteres son de baja heredabilidad (Gutiérrez 2010).

2.3.2. Selección genómica

El concepto de la selección genómica, es una herramienta de selección asistida por marcadores moleculares (polimorfismo de nucleótido simple) que se encuentra dispersos a lo largo de todo el genoma y están en desequilibrio de ligamiento con sectores del cromosoma que estén asociados a caracteres de interés económico (Navajas *et al.* 2012; Aguilar 2015). Cantet *et al.* (2008) manifiestan que la selección genómica tiene gran efecto en la eficiencia de la selección animal en los programas de mejoramiento genético. Además esta herramienta predice el valor genético del individuo a una edad mucho más temprana, aun cuando los animales no tengan registros de producción (VanRaden *et al.* 2009), incrementado la precisión del mérito genético y reduciendo el intervalo generacional (Cantet *et al.* 2008).

Para implementar la herramienta de la selección genómica en la selección animal, se necesita la disponibilidad de marcadores moleculares que cubran todo el genoma, asimismo, se necesita desarrollar metodologías estadísticas y bioinformáticas que soporten grandes cantidades de datos (Aguilar 2015). Se han desarrollado muchas estrategias para conocer el control genético de los caracteres económicos y uno de ellos son los marcadores moleculares, que permiten identificar posibles genes que estén ligados a los caracteres productivos en diferentes especies animales (Mamani 2018).

La selección en la mayoría de caracteres implica utilizar el polimorfismo de nucleótido simple (SNP) como dato adicional para poder predecir sus valores genéticos; basándose en dichos valores se toma la decisión de selección en dos casos: a) cuando los fenotipos son difíciles y caros de medir; y b) cuando se quiere

estimar el valor de cría a una edad mucho más temprana (Oldenbroek & Van der waaij 2015). Todos los datos genómicos obtenidos de los animales jóvenes y producción de sus parientes, han permitido predecir los valores genéticos de los animales que no tienen fenotipo, logrando incrementar el progreso genético, además reduciría las pruebas de progenie para la reconstrucción de la genealogía ascendente (Hill 2014). Esto permite predecir el mérito genético en función de la información que aportan los miles de marcadores, para esto requiere dos pasos importantes: a) obtención del genotipado mediante la muestra de ADN y b) tener el conocimiento suficiente de la aportación de cada marcador con relación a la característica deseada a implementar (Navajas *et al.* 2012).

Con la nueva tecnología y los chips genómicos, se dispone de muchas plataformas con relación a la genotipificación de los marcadores moleculares (SNP), y junto con las evaluaciones genéticas tradicionales, se permitirá incrementar la precisión de los valores genéticos de los animales mejorados (Schaeffer 2006). Estas evaluaciones genómicas tienen ventaja sobre las evaluaciones genéticas y una de ellas es el incremento de la intensidad de selección (Hayes *et al.* 2009).

El avance de la genómica está mostrando mucho progreso en la ganadería (bovina, caprina, ovina, porcina), originando nuevos criterios de selección en la mejora genética mediante la identificación de genes y loci (QTL), teniendo efectos notables en los fenotipos productivos (Angel-Marín *et al.* 2013). Los métodos de evaluación genómica utilizan información genotípica que se extrae de los chips genómicos de alta densidad (Angel-Marín *et al.* 2013). Las evaluaciones genómicas se han realizado en varios países mayormente en *Bos taurus*, especialmente para la ganadería lechera (VanRaden 2008; Wiggans & Cooper 2010). También se han desarrollado chip genómicos de polimorfismo de nucleótido simple (SNP) en otras especies domésticas, como el chip 76K SNP para alpacas (Calderon *et al.* 2021), chip genómico bovino de 50K SNP (Matukumalli *et al.* 2009); chip genómico porcino de 60K SNP (Ramos *et al.* 2009); chip genómico de pollo 60K SNP (Groenen *et al.* 2011).

La selección genómica en alpacas ha avanzado muy lento en comparación con otra especie animal (Mamani 2018). En los últimos años se han reportado avances con

relación a la organización del genoma de la alpaca (Richardson *et al.* 2019). Se ha desarrollado el primer mapa citogenético (Ávila *et al.* 2015) y su ampliación (Mendoza *et al.* 2019; Mendoza *et al.* 2020). También se ha identificado el polimorfismo de nucleótido simple (SNP) en alpacas usando el chip genómico bovino de alta densidad (More *et al.* 2019). Además, han reportado de un número de 63 polimorfismos de nucleótido simple (SNP) y de mutaciones que se encuentran presentes en los genes relacionados con la calidad y el color de la fibra (Guridi *et al.* 2011; Jones *et al.* 2019).

Se encuentra disponible el chip genómico para alpaca de 76K SNP, este podría utilizarse en mejorar el conocimiento del genoma y para diversos estudios relacionados a caracteres de interés productivos (Calderon *et al.* 2021). Esta herramienta ayudará a facilitar la aplicación de la selección genómica en los futuros programas de mejoramiento genético de las alpacas (Calderon *et al.* 2021).

Mejor predictor lineal insesgado genómico de un solo paso

El mejor predictor lineal insesgado genómico de un solo paso (ss-GBLUP) utiliza una parte de la información genómica para estimar valores genéticos de todos los animales genotipado y no genotipados (Misztal *et al.* 2009). El ss-GBLUP es más accesible para incorporar información genómica con una mayor exactitud de la covarianza genética entre individuos en los diferentes programas de selección (Amaya *et al.* 2020; Clark y van der Werf 2013; Meuwissen *et al.* 2016).

Mediante el mejor predictor lineal insesgado genómico de un solo paso (ss-GBLUP) se puede predecir el mérito genético de los animales de granja mediante la utilización de información genealógica, fenotípica y genómica (Aguilar *et al.* 2010), esta información genómica que se obtiene de un chip genómico que permite el genotipado de SNPs de manera simultánea para un individuo (Aguilar 2015; Aguilar *et al.* 2010). El ss-GBLUP estima la relación de parentesco entre animales (Aguilar 2015; Legarra *et al.* 2014; Aguilar *et al.* 2010), ya que combina el parentesco basado en la genealogía con el parentesco basado en la matriz de relaciones genómicas (Misztal *et al.* 2009).

El ss-GBLUP incorpora diversas informaciones (genealógica, fenotípica y genómica de forma simultánea) para predecir el mérito genético de los animales de granja mediante la matriz de relaciones combinada “H” (Legarra *et al.* 2014; Rupp *et al.* 2016; Song *et al.* 2019). El ss-GBLUP mejora las precisiones de las predicciones genómicas en comparación a la metodología BLUP (Legarra & Ducrocq 2012; Lourenco *et al.* 2013; Legarra *et al.* 2014; Amaya *et al.* 2020), reduce el sesgo y permite hacer una evaluación a los animales con o sin genotipo simultáneamente (Rupp *et al.* 2016).

2.4. SIMULACIÓN DE ESTRATEGIAS DE MEJORAMIENTO GENÉTICO

Los programas de simulación se desarrollaron con el propósito de dar soluciones a diversos problemas que afectan la productividad animal (Soares de Lima 2009). Mediante estas simulaciones se evalúan distintos escenarios de programas de mejora genética animal (Wurzinger *et al.* 2008). El uso de las simulaciones predice el rendimiento de los sistemas productivos mediante diversos escenarios, permitiendo evaluar diversas opciones en un corto tiempo (Soares de Lima 2009).

Se han llevado diversos estudios de simulación en programas comunitarios de mejoramiento genético animal como: a) la optimización de esquemas alternativos de programas para dos razas de cabras etíopes (Abegaz *et al.* 2014); b) Planes para razas de ovejas autóctonas en cuatro zonas agroecológicas de Etiopía (Mirkena *et al.* 2012).

En los estudios de los programas comunitarios, Abegaz *et al.* (2014) obtuvieron ganancias relativamente mayores en la alternativas con más caracteres que con un solo carácter en los criterios de selección. Mirkena *et al.* (2012) obtuvieron ganancias genéticas esperadas, pero estas dependieron de los registros de desempeño y pedigrí, además estos programas comunitarios son eficientes y sostenibles, si formaran parte de los programas nacionales. Wurzinger *et al.* (2008) obtuvieron un rápido progreso genético cuando mantuvieron a los machos en una estación central de apareamiento, debido a que la intensidad de selección era alta. La simulación de esquemas de reproductores machos de referencia (EMR) en un núcleo genético disperso, permitió fijar enlaces genéticos directos que están en un

rango de 98 a 100 por ciento, durante tres generaciones, esto dependió del incremento de los machos seleccionados y de las hembras empadradas en alpacas (Amanca 2018).

En un estudio de simulación para rebaños de alpacas australianas, Ponzoni (2000) reportó ganancias genéticas de 2.50 a 3.36 kg para el peso del vellón; 25.0 a 22.2 μm para el diámetro de fibra y 63.0 a 63.7 kg para peso vivo, en un periodo de 10 años. (León-Velarde & Guerrero 2001) mediante un estudio de simulación referido a rebaños alpaqueros lograron obtener ganancias de 300 gr, 6 cm y -1.4 μm para peso de vellón, longitud de mecha y diámetro de fibra en un periodo de 10 años. En un estudio de simulación para alpacas Quispe *et al.* (2007) lograron obtener ganancias anuales de 77.5 gr y -0.07 μm para peso de vellón y diámetro de fibra. Quispe *et al.* (2008) mediante la predicción de ganancias anuales en una selección masal reportaron para peso vivo grasiento un peso de 57 y 78 g y para el diámetro de fibra valores de -0.17 y -0.23 μm .

De los diferentes programas de simulación de mejoramiento genético se viene usando el programa ZPLAN+ (Täubert *et al.* 2010), este programa es uno de los más importantes, y en el transcurso de los años se han realizados diversos estudios de investigación como: a) Diseño de un programa para una población de llamas de las zonas altoandinas de Bolivia (Wurzinger *et al.* 2008); b) Modelado de esquemas de selección genómica en programas de cría de cerdos bávaros utilizando ZPLAN+ (Li 2014); c) Optimización de programas de cría porcina utilizando selección genómica con ZPLAN+ (Lopez *et al.* 2016).

III. MATERIALES Y MÉTODOS

3.1. LUGAR

Se tomaron como referencia la población de alpacas Huacaya blanco, tanto machos como hembras de la Estación Experimental de Investigación Científica de Pacamarca, ubicada a una altitud de 4060 msnm, en las coordenadas 29°21'01" latitud Sur, 82°41'57" longitud Oeste, con una temperatura media anual de 12°C, una máxima de 17°C y una mínima de -17°C en el Distrito de Llalli, Provincia de Melgar, Departamento de Puno, Perú.

La información fenotípica y genealógica que se utilizó fue de la base de los registros de la población de alpacas correspondientes a los años de 1992 al 2020, de un total de 12,431 alpacas.

Las simulaciones fueron realizadas en gabinete en las instalaciones del Programa de Mejoramiento Animal de la Universidad Nacional Agraria La Molina.

3.2. ESCENARIOS DE SIMULACIÓN

Se compararon la ganancia genética del carácter objetivo de mejora genética y la respuesta correlacionada del otro carácter en cuatro escenarios (Tabla 3). En los escenarios 1 y 3 se compararon las dos metodologías de la evaluación genética (BLUP versus ss-GBLUP) para el diámetro de la fibra como objetivo de mejora y el porcentaje de medulación como carácter correlacionado. En los escenarios 2 y 4 se compararon las dos metodologías de la evaluación genética (BLUP versus ss-GBLUP) para el porcentaje de medulación como objetivo de mejora y el diámetro de la fibra como carácter correlacionado.

Para la simulación se utilizó el programa ZPLAN+ (Täubert *et al.* 2010). Este programa usa el método de flujo de genes (Hill 1974) y el índice de selección para predecir el mérito genético y su precisión (Hazel & Lush 1942).

Tabla 3. Resumen de los cuatro escenarios

	Objetivo de mejoramiento genético	Metodología de la evaluación
Escenario 1	Diámetro de la fibra	BLUP
Escenario 2	Porcentaje de medulación	BLUP
Escenario 3	Diámetro de la fibra	ss-GBLUP
Escenario 4	Porcentaje de medulación	ss-GBLUP

BLUP = Mejor Predictor Lineal Insesgado

ss-GBLUP= Mejor Predictor Lineal Insesgado genómico de un solo paso

Se utilizaron los mismos parámetros de entrada para los cuatro escenarios y el mismo esquema del programa mejora genética. La fuente de información que se utilizó para el índice de la selección serán los valores de rendimiento de los padres, abuelos, medios hermanos, mismo animal para todos los grupos seleccionados (macho adulto, macho joven, hembra adulta y hembra joven) de los cuatro escenarios. La fuente de información de generación progenie 1 (hijos de los primeros progenitores) y generación progenie 2 (nietos de los progenitores de la generación 1) le corresponde a los machos adultos y hembras adultas en todos los escenarios. La fuente de información genómica les corresponde al macho joven, macho adulto, hembra joven y hembra adulta de los escenarios 3 y 4 respectivamente.

Los parámetros de entrada de la población y parámetros biológicos para la simulación de los escenarios se describen en la Tabla 4. En los parámetros de la población se cuenta con una población de 300 hembras adultas, 43 machos adultos, 81 hembras jóvenes evaluadas, 81 machos jóvenes evaluados, 30 hembras jóvenes seleccionados y ocho machos jóvenes seleccionados. En los parámetros biológicos de la edad al parto de las 1^{eras} crías de cinco años en machos adultos, edad al parto

de las 1^{eras} crías de cuatro años en machos jóvenes, edad al parto de las 1^{eras} crías de cuatro años en hembras adultas, edad al parto de las 1^{eras} crías de tres años en hembras jóvenes, intervalo entre parto es de 1.3 años, uso productivo como machos adultos es de seis años y uso productivo como hembras adultas es de siete años.

Tabla 4. Parámetros de entrada para la simulación

Población	
Tamaño total de la población (hembras adultas)	300
Tamaño total de la población (machos adultos)	43
Número de hembras jóvenes evaluadas	81
Número de machos jóvenes evaluados	81
Número de hembras jóvenes seleccionadas	30
Número de machos jóvenes seleccionados	08
Parámetros biológicos	
Edad al parto de las 1 ^{eras} crías, machos adultos	5
Edad al parto de las 1 ^{eras} crías, hembras adultas	4
Edad al parto de las 1 ^{eras} crías, machos jóvenes	4
Edad al parto de las 1 ^{eras} crías, hembras jóvenes	3
Intervalo entre parto, años	1.3
Uso productivo como machos adultos, años	6
Uso productivo como hembras adultas, años	7

Los valores de heredabilidad de los caracteres de DF y PM, así como la correlación genética y fenotípica fueron estimadas por Cruz *et al.* (2019) la que se presenta en la Tabla 5.

Tabla 5. Heredabilidad (diagonal), correlación genética (arriba de la diagonal) y correlación fenotípica (debajo de la diagonal)

	Diámetro de fibra	Porcentaje de medulación
Diámetro de fibra	0.347	0.552
Porcentaje de medulación	0.443	0.225

Fuente: Cruz *et al.* (2019)

La Figura 1 describe el flujo de la población de alpacas para la obtención de machos y hembras jóvenes cada año. Esta población de hembras adultas está conformada

por 300 alpacas que son apareadas, de las cuales 255 hembras logran preñarse (85 por ciento de natalidad), obteniendo un promedio de 240 nacimientos debido que se produce un 6 por ciento de abortos. De esos nacimientos la mitad son machos y otra mitad son hembras teniendo una mortalidad general del 10 por ciento hasta llegar a la adultez, quedando 108 alpacas en ambos sexos, de esos un 25 por ciento presentan diversos defectos que son retirados, quedando 81 alpacas jóvenes en ambos sexos. Estas alpacas jóvenes son seleccionadas a través de la evaluación genética, quedando ocho machos y 30 hembras por año. El mapa de estructura de la población se describe en la Figura

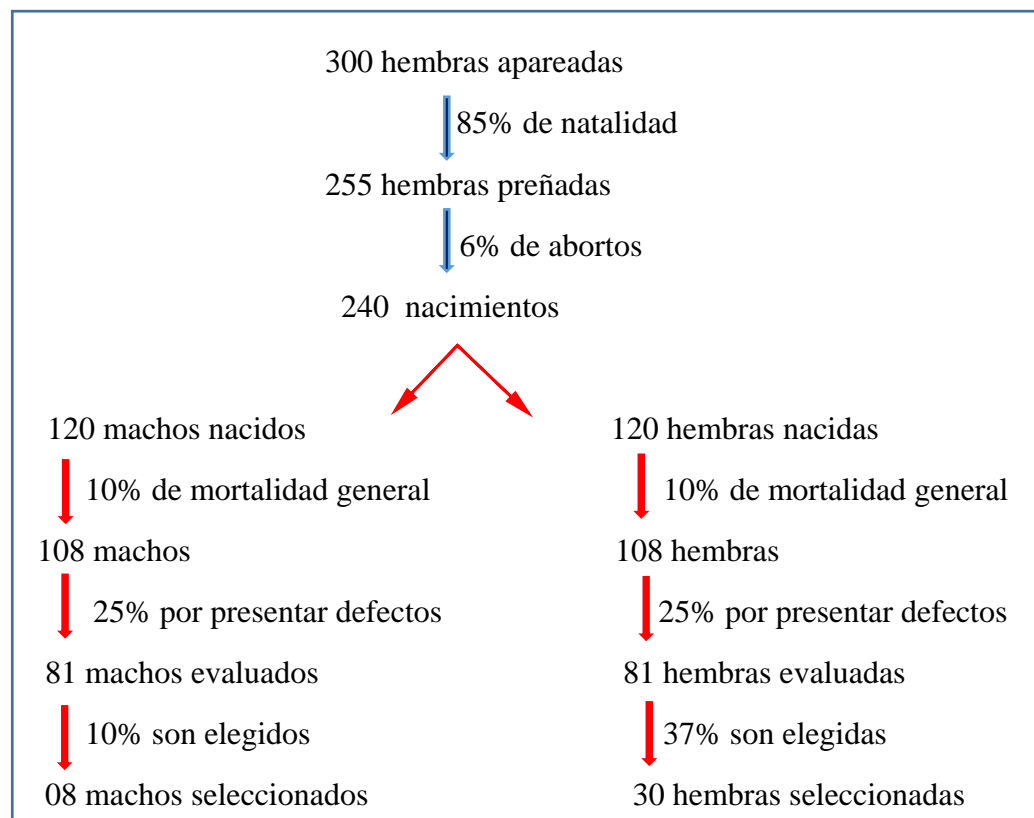


Figura 1: Flujo de producción de machos y hembras seleccionados por año

La figura 2 presenta el mapa de estructura de la población donde cada grupo de selección es descrito detalladamente. Los machos jóvenes están conformados por 120 alpacas, de ellos 81 son evaluados y ocho son seleccionados, su edad al parto de las 1^{eras} crías es a los cuatro años, el uso productivo como macho joven es de un año, tienen como fuente de información a los padres, abuelos, medios hermanos, al mismo animal y carácter genómico para DF y PM para los escenarios 3 y 4. Las

hembras jóvenes están conformadas por 120 alpacas, de ellos 81 son evaluadas y 30 son seleccionadas, su edad al parto de las 1^{eras} crías es a los tres años, el uso de la hembra joven es de un año, tienen como fuente de información a los padres, abuelos, medios hermanos y al mismo animal. Los machos adultos están conformados por 43 alpacas (ocho jóvenes y 35 adultos) que son evaluados y 35 son seleccionados, su edad al parto de las 1^{eras} crías es a los cinco años, el uso productivo como macho adulto es de seis años, tienen como fuente de información a los padres, abuelos, medios hermanos, al mismo animal, generación progenie (1, 2) y el efecto de los marcadores genómicos para DF y PM para los escenarios 3 y 4. Las hembras adultas están conformadas por 300 alpacas (30 jóvenes y 270 adultas) que son evaluadas y 270 son seleccionadas, su edad al parto de las 1^{eras} crías es a los cuatro años, el uso productivo como hembra adulta es de siete años, tienen como fuente de información a los padres, abuelos, medios hermanos, al mismo animal, generación progenie (1, 2). Teniendo el efecto de los marcadores genómicos para DF y PM para los escenarios 3 y 4.

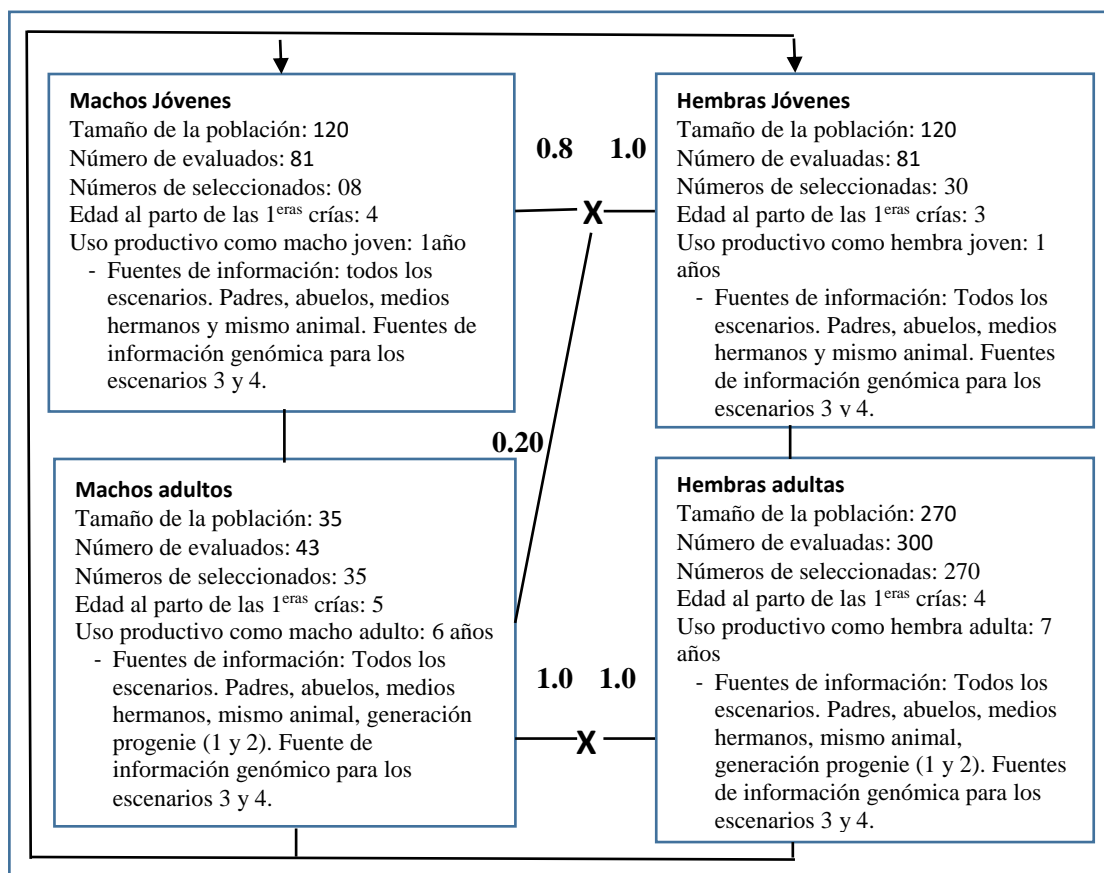


Figura 2: Mapa de estructura de la población

El flujo de genes se describe en la Tabla 6. El 100 por ciento de los reproductores machos se aparean con las hembras adultas, el 80 por ciento de las hembras jóvenes se aparean con los machos jóvenes y su 20 por ciento restante se aparean con los machos adultos. Las hembras jóvenes representan el 10 por ciento y las hembras adultas el 90 por ciento.

Tabla 6: Flujo de genes de la población

		De (padres)			
		Macho Joven	Macho adulto	Hembra joven	Hembra adulta
Para (descendencia)	Macho reproductor	0.0	1.0	0.0	1.0
	Hembra joven	0.8	0.2	0.1	0.9
	Hembra adulta	0.0	1.0	0.0	1.0

Las ponderaciones como respuesta directa a la selección o como respuesta correlacionada para los caracteres DF y PM en los cuatro escenarios simulados se describen en la Tabla 7.

Tabla 7: Ponderaciones para el diámetro de fibra (DF) y para el porcentaje de medulación (PM) en los cuatro escenarios simulados

	Caracteres	Metodología de evaluación	Objetivo de selección	Ponderación
Escenario 1	DF	BLUP	Directa	1
	PM	BLUP	Correlacionada	0
Escenario 2	DF	BLUP	Correlacionada	0
	PM	BLUP	Directa	1
Escenario 3	DF	ss-GBLUP	Directa	1
	PM	ss-GBLUP	Correlacionada	0
Escenario 4	DF	ss-GBLUP	Correlacionada	0
	PM	ss-GBLUP	Directa	1

3.3. CÁLCULO DE LA PRECISIÓN DEL MÉRITO GENÉTICO GENÓMICO PARA EL DIÁMETRO DE FIBRA Y PARA EL PORCENTAJE DE MEDULACIÓN

Se usó información fenotípica y genealógica de los registros de la población de alpacas de la Estación Experimental de Investigación Científica de Pacamarca, (correspondientes a los años de 1992 hasta el 2020), de un total de 12,431 alpacas donde recodificaron los datos genealógicos utilizando el programa Endog v.4.8 (Gutiérrez *et al.* 2010). También se utilizó información del genotipado de 431 alpacas, las que conformaron la población de referencia, con la micromatriz de 76,508 polimorfismo de nucleótido simple (Calderon *et al.* 2021).

Para la estimación de los componentes de varianza, el mérito genético y el error de la varianza se utilizaron los programas RENUMF90, REMLF90 y BLUPF90, de la familia de programas BLUPF90 (Misztal *et al.* 2015). El cual se armó un archivo de parámetros utilizando el modelo ss-GBLUP haciendo uso del archivo genealógico, el archivo fenotípico y el archivo de marcadores, para su renumeración mediante el programa RENUM. Luego se estimaron los componentes de varianza utilizando la metodología de máxima verosimilitud restringida (Schaeffer *et al.* 1978; Meyer 1985), mediante el programa REMLF90. Una vez obtenido los componentes de varianza y el error de la varianza usando el modelo ss-GBLUP se procedió a estimar la precisión del mérito genético genómico para DF y PM mediante la siguiente formula:

$$r = \sqrt{1 - \frac{(e.v)^2}{VG_A}}$$

Donde $(e.v)^2$ es el error de la varianza al cuadrado y VG_A es la varianza genética aditiva (Gutiérrez 2010).

IV. RESULTADOS Y DISCUSIÓN

4.1. GANANCIAS GENÉTICAS

La mayor ganancia genética se da cuando el DF y el PM tienen mayor ponderación genética, más aún si se dispone de información genómica utilizando la metodología ss-GBLUP en comparación a la metodología BLUP. En la Tabla 8 se presenta las ganancias genéticas obtenidas en los cuatro escenarios simulados para cada carácter. La ganancia genética anual para el DF fue mayor en el escenario 3 seguido de los escenarios 1, 4 y 2. Asimismo la ganancia genética anual para el PM fue mayor en el escenario 4 seguido de los escenarios 2, 3 y 1.

El intervalo generacional es de 8.07 años en todos los escenarios, esto se debió a que en los input de entrada se consideró 1.3 años en el intervalo entre parto (Cruz *et al.* 2015) que es una media general, además que el estudio no considera evaluar el intervalo generacional, por eso la media es la misma en todos los escenarios.

Se obtuvo el valor promedio de la precisión del mérito genético genómico de 0.71 para DF y 0.49 para PM respectivamente. Estos valores se usaron como parámetros de entrada para la simulación de los escenarios 3 y 4.

Tabla 8. Ganancias genéticas anuales para el diámetro de fibra (DF) y para el porcentaje de medulación (PM) en los cuatro escenarios simulados

	Escenarios			
	1	2	3	4
Ganancia genética DF (μm)	-0.21	-0.13	-0.25	-0.16
Ganancia genética PM (%)	-0.68	-1.07	-0.85	-1.26

DF= Diámetro de fibra, PM=Porcentaje de medulación

La ganancia genética anual para el DF es mayor cuando se utiliza el carácter como objetivo y criterio de selección (Escenario 1 y 3) mostrando ganancias genéticas de $-0.21\mu\text{m}$ y $-0.25\mu\text{m}$ para BLUP y ss-GBLUP respectivamente. Disminuyendo la ganancia genética en la medida que el índice de selección tenga ponderación genética baja en su construcción, disminuyendo a casi la mitad de la ganancia genética cuando se tiene una respuesta correlacionada (Escenario 2 y 4) mostrando ganancias genéticas de $-0.13\mu\text{m}$ y $-0.16\mu\text{m}$ tanto en la metodología BLUP y ss-GBLUP respectivamente.

Las ganancias genéticas anuales para el DF para ambas metodologías (BLUP y ss-GBLUP) son parecidas cuando se usa un índice de selección con un enfoque de selección masal, como lo reportado por Quispe *et al.* (2008), que predicen ganancias genéticas anuales entre $-0.17\mu\text{m}$ y $-0.23\mu\text{m}$ para alpacas bajo un sistema de núcleos genéticos. Igualmente, las ganancias genéticas encontradas por ambas metodologías BLUP y ss-GBLUP fueron superiores a lo reportado por León-Velarde y Guerrero (2001), que predice $-0.14\mu\text{m}$ para alpacas cuando se emplea un índice de selección multicausal. Sin embargo, al compararla con la lana de oveja australiana, que predicen ganancias genéticas anuales de $-0.25\mu\text{m}$ y $-0.26\mu\text{m}$ utilizando selección genómica (Van Der Werf 2009), se observa que las ganancias genéticas en alpacas son menores utilizando la metodología BLUP y muy similares utilizando información genómica, como se muestra en el escenario 3 en la metodología ss-GBLUP ($0.25\mu\text{m}$).

Las ganancias genéticas del PM, muestran una mayor ganancia genética en los escenarios 2 y 4 cuando se utiliza toda la ponderación genética en el PM para la construcción del índice de selección para las metodologías BLUP y ss-GBLUP (-1.07 por ciento y -1.26 por ciento), mientras que el Escenario 1 y 3 muestran las ganancias genéticas por una respuesta correlacionada.

4.2. COMPARACIÓN DE LAS GANANCIAS GENÉTICAS ANUALES PARA DIÁMETRO DE FIBRA Y PARA EL PORCENTAJE DE MEDULACIÓN EN LOS CUATRO ESCENARIOS

Al comparar la ganancia genética de DF en el escenario 1 ($-0.21\mu\text{m}$) como objetivo de mejora versus el escenario 2 ($-0.13\mu\text{m}$) como carácter correlacionado, ambos usando la misma metodología de evaluación genética BLUP, obtuvimos que hay una disminución de un 38 por ciento de ganancia genética para DF en el escenario 2 con respecto al escenario 1. Esto debido a que en el escenario 2 no se consideró al DF como objetivo de mejora. Al comparar las ganancias genéticas para PM del escenario 1 (-0.68) como carácter correlacionado versus el escenario 2 (-1.07) como objetivo de mejora obtuvimos un 57 por ciento de incremento de ganancia genéticas para PM en el escenario 2 con respecto al escenario 1. Esto es debido a que el escenario 2 era considerado objetivo de mejora para PM.

En los escenarios 1 y 3 se compararon las ganancias genéticas obtenidas por ambas metodologías de la evaluación genética (BLUP versus ss-GBLUP) para el diámetro de la fibra como objetivo de mejora y el porcentaje de medulación como carácter correlacionado. Al compararse las ganancias genéticas para DF del escenario 1 ($-0.21\mu\text{m}$) con el escenario 3 ($-0.25\mu\text{m}$), se obtuvo un 19 por ciento de incremento de ganancia genética para DF en el escenario 3. Esto fue debido que el escenario 3 uso la información genómica en comparación con el escenario 1 que uso el modelo animal BLUP. Igualmente se compararon las ganancias genéticas para el PM en el escenario 1 (-0.68) y para el escenario 3 (-0.85), se obtuvo un 25 por ciento de incremento de ganancia genéticas para PM en el escenario 3. Esto es debido a que el escenario 3 uso la información genómica.

Al comparar la ganancia genética de DF del escenario 1 ($-0.21\mu\text{m}$) como objetivo de mejora usando el modelo BLUP con el escenario 4 ($-0.16\mu\text{m}$) como carácter correlacionado usando el modelo ss-GBLUP, se obtuvo un 24 por ciento de disminución de la ganancia genética para DF en el escenario 4 con respecto al escenario 1. Esto fue debido a que el DF no fue el objetivo de selección en el escenario 4, a pesar que usó la información genómica en comparación del escenario 1. Igualmente se compararon las ganancias genéticas para el PM como carácter

correlacionado para el escenario 1 (-0.68) usando el modelo BLUP y el escenario 4 (-1.26) como objetivo de mejora usando el modelo ss-GBLUP, obteniendo un 85 por ciento de incremento de ganancia genéticas para PM en el escenario 4. Esto es debido a que este escenario 4 uso la información genómica.

Al comparar la ganancia genética de DF de escenario 2 (-0.13 μ m) como carácter correlacionado usando el modelo BLUP con el escenario 3 (-0.25 μ m) como objetivo de mejora usando el modelo ss-GBLUP, se obtuvo un 92 por ciento de incremento de ganancia genética para DF en el escenario 3 con respecto al escenario 1. Esto es debido que el escenario 3 uso la información genómica. Al comparar el PM del escenario 2 (-1.07) como objetivo de mejora usando el modelo BLUP con el escenario 3 (-0.85) como carácter correlacionado usando el modelo ss-GBLUP, se obtuvo un 21 por ciento de disminución de ganancia genética para PM en el escenario 3 con respecto al escenario 2. Esto es debido a que el PM no fue objetivo de selección en el escenario 3, a pesar que usó la información genómica respecto al escenario 2.

De igual forma, en los escenarios 2 y 4 se compararon las ganancias genéticas obtenidas en ambas metodologías de la evaluación genética (BLUP versus ss-GBLUP) para el porcentaje de medulación como objetivo de mejora y el diámetro de fibra como carácter correlacionado. Al compararse las ganancias genéticas para PM del escenario 2 (-1.07) con el escenario 4 (-1.26), se obtuvo un 18 por ciento de incremento de ganancia genética para PM en el escenario 4. Esto fue debido que el escenario 4 uso la información genómica en comparación con el escenario 2 que uso el modelo animal BLUP. Del mismo modo se compararon las ganancias genéticas para el DF como carácter correlacionado en el escenario 2 (-0.13 μ m) y en el escenario 4 (-0.16 μ m), obteniendo un 23 por ciento de incremento de ganancia genéticas para DF en el escenario 4. Esto es debido que el escenario 4 uso la información genómica.

Al comparar la ganancia genética de DF en el escenario 3 (-0.25 μ m) con el escenario 4 (-0.16 μ m), ambos usando el modelo ss-GBLUP, se obtuvo un 36 por ciento de disminución de ganancia genética para DF en el escenario 4 con respecto al escenario 3. Esto es debido que al escenario 4 no se le consideró al DF como objetivo de

selección. Igualmente al comparar el PM del escenario 3 (-0.85) con el escenario 4 (-1.26), se obtuvo un 48 por ciento de incremento de las ganancias genéticas para PM en el escenario 4 con respecto al escenario 3. Esto es debido a que en el escenario 4 se consideró al PM como objetivo de mejora.

Los escenarios que usaron la información genómica como criterio de selección contribuyeron notoriamente en la obtención de una mayor ganancia genética (Meuwissen *et al.* 2001; Schaeffer 2006; Misztal *et al.* 2009; Amaya *et al.* 2020), mostrando superioridad respecto al modelo BLUP (Legarra & Ducrocq 2012; Amaya *et al.* 2020) en este presente estudio. Los escenarios que usaron la información genómica como carácter correlacionado también contribuyeron a una mayor ganancia genética con respecto al modelo BLUP.

V. CONCLUSIONES

1. La ganancia genética del diámetro de fibra fue mayor usando ss-GBLUP en comparación al BLUP.
2. La ganancia genética del porcentaje de medulación fue mayor usando ss-GBLUP en comparación al BLUP.

VI. RECOMENDACIONES

1. Implementar el ss-GBLUP como método de evaluación genética en alpacas Huacaya para las características de diámetro de fibra y porcentaje de medulación.
2. Realizar estudios sobre la ganancia genética usando ss-GBLUP en otras características como el peso del vellón, largo de mecha, el factor confort, la uniformidad y el rizo en alpacas Huacaya.

VII. REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Abegaz, S., Sölkner, J., Gizaw, S., Dessie, T., Haile, A., Mirkena, T., Getachew, T., & Wurzinger, M. 2014. Optimizing alternative schemes of community based breeding programs for two Ethiopian goat breeds. *Acta Agraria Kaposváriensis*, 18, 47–55.
- Aguilar, I.; Misztal, I.; Johnson, D. L.; Legarra, A.; Tsuruta, S.; Lawlor, T. J. 2010. Hot topic: A unified approach to utilize phenotypic, full pedigree, and genomic information for genetic evaluation of Holstein final score. *Journal of Dairy Science*, 93(2): 743–752. doi: 10.3168/jds.2009-2730.
- Aguilar, I. 2015. Potencialidades de la Selección Genómica. Seminario de Actualización Técnica Mejoramiento Genético En Bovinos Para Carne. 7 de Agosto 2015, Tacuarembó, Uruguay, 57p.
- Aguilar, H., Gutiérrez, G., & Wurzinger, M. 2019. Parámetros genéticos de caracteres asociados a la uniformidad del diámetro de fibra en alpacas Huacaya en Puno, Perú. *Revista de Investigaciones Veterinarias Del Perú*, 30(3), 1150–1157. <https://doi.org/10.15381/rivep.v30i3.15370>.
- Allain, D., & Renieri, C. 2010. Genetics of fibre production and fleece characteristics in small ruminants, Angora rabbit and South American camelids. *Animal*, 4(9), 1472–1481. <https://doi.org/10.1017/S1751731110000029>.
- Amanca, E. 2018. Esquema de reproductores macho de referencia para un núcleo genético disperso de alpacas (*Vicugna pacos*) Huacaya en la Región Pasco. Tesis de Maestría. Universidad Nacional Agraria la Molina. Lima, Perú. 81p.

- Amaya, A., Martínez, R., & Cerón, M. 2020. Genetic evaluations in cattle using the single-step genomic best linear unbiased predictor. *Ciencia Tecnología Agropecuaria*, 21(1), 1–13. doi: https://doi.org/10.21930/rcta.vol21_num1_art:1548. http://www.scielo.org.co/pdf/ccta/v21n1/en_0122-8706-ccta-21-01-00019.pdf.
- Angel-Marín, P., Cardona-Cadavid, H., & Cerón-Munoz, M. 2013. Genómica en la producción animal. *Revista Colombiana de Ciencia Animal*, 5(2), 497–518. <https://doi.org/10.24188/recia.v5.n2.2013.460>.
- Ávila, F; Baily, MP; Merriwether, DA; Trifonov, VA; Rubes, J; Kutzler, MA; Chowdhary, R; Janečka, J; Raudsepp, T. 2015. A cytogenetic and comparative map of camelid chromosome 36 and the minute in alpacas. *Chromosome Research*, 23(2), 237-251.
- Calderon, M., More, M., Gutierrez, G., & Abel Ponce de León, F. 2021. Development of a 76K alpaca (*Vicugna pacos*) single nucleotide polymorphisms (SNPs) microarray. *Genes*, 12(2), 1–18. <https://doi.org/10.3390/genes12020291>.
- Cantet, R., Gualdrón, J., & Munilla, S. 2008. Selección Genómica. *Revista Argentina de Producción Animal*, 28(2), 133–136.
- Cervantes, I., Pérez, M., Morante, R., Burgos, A., Salgado, C., Nieto, B., Goyache, F., & Gutiérrez, J. 2010. Genetic parameters and relationships between fibre and type traits in two breeds of Peruvian alpacas. *Small Ruminant Research*, 88(1), 6–11. <https://doi.org/10.1016/j.smallrumres.2009.10.016>.
- Clark, S. A., & van der Werf, J. 2013. Genomic best linear unbiased prediction (GBLUP) for the estimation of genomic breeding values. *Methods in Molecular Biology*, 1019: 321-330. doi: 10.1007/978-1-62703-447-0_13.
- Córdova, M. 2015. Comparación de la calidad de las fibras de *Vicugna pacos* (alpaca) y *Lama glama* (llama). Tesis de Ingeniero Zootecnista. Escuela Superior Politécnica de

Chimborazo. Riobamba, Ecuador. 113p.

Cruz, A. 2011. Estimación de parámetros genéticos para caracteres productivos en alpacas (*Vicugna pacos*), Perú 2011. Tesis de Master. Universidad Politecnica de Valencia. Valencia, España. 53p. <https://doi.org/10.1111/j.0954-6820.1976.tb08186.x>.

Cruz, A., Cervantes, I., Burgos, A., Morante, R., & Gutiérrez, J. 2015. Estimation of genetic parameters for reproductive traits in alpacas. *Animal Reproduction Science*, 163, 48–55. <https://doi.org/10.1016/j.anireprosci.2015.09.017>.

Cruz, A. 2017. Parámetros genéticos de caracteres funcionales y secundarios en alpacas. Tesis para optar el grado de Doctor en Veterinaria. Universidad Complutense de Madrid, España. 64p.

Cruz, A., Morante, R., Gutiérrez, J., Torres, R., Burgos, A., & Cervantes, I. 2019. Genetic parameters for medullated fiber and its relationship with other productive traits in alpacas. *Animal*, 13(7), 1358–1364. <https://doi.org/10.1017/S1751731118003282>.

FAO. 2005. Situación actual de los camélidos sudamericanos en Perú. Fao, Proyecto de Cooperación Técnica en apoyo de la crianza y aprovechamiento de los Camélidos Sudamericanos en la Región Andina TCP/RLA/2914. Organización de las Naciones Unidas para la Agricultura, 62p, recuperado 27 de diciembre 2020.

Frank, E., Hick, M., Gauna, C., Lamas, H., Renieri, C., & Antonini, M. 2006. Phenotypic and genetic description of fibre traits in South American domestic camelids (llamas and alpacas). *Small Ruminant Research*, 61, 113–129. <https://doi.org/10.1016/j.smallrumres.2005.07.003>.

Fundación Suyana. 2010. Programa de fortalecimiento integral rural: Principios de mejoramiento genético en alpacas y llamas. Suyana Fundación, La Paz, Bolivia, 1, 32p.

- Groenen, M., Megens, H., Zare, Y., Warren, W., Hillier, L., Crooijmans, R., Vereijken, A., Okimoto, R., Muir, W., & Cheng, H. 2011. The development and characterization of a 60K SNP chip for chicken. *BMC Genomics*, 12, 274p. <https://doi.org/10.1186/1471-2164-12-274>.
- Guillén, A. 2019. Variación en el diámetro de fibra por efecto de la medulación en vellones finos de Alpacas Huacayas de diferentes edades. Tesis para optar el Título de Médico Veterinario. Universidad Nacional Mayor de San Marcos. Lima, Perú. 70p.
- Guridi, M., Soret, B., Alfonso, L., & Arana, A. 2011. Single nucleotide polymorphisms in the Melanocortin 1 Receptor gene are linked with lightness of fibre colour in Peruvian Alpaca (Vicugna pacos). *Animal Genetics*, 42(6), 679–682. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2052.2011.02205.x>.
- Gutiérrez, J., Goyache, F., Burgos, A., & Cervantes, I. 2009. Genetic analysis of six production traits in Peruvian alpacas. *Livestock Science*, 123(2–3), 193–197. <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2008.11.006>.
- Gutiérrez, J. 2010. Iniciación a la valoración genética animal: metodología adaptada al EEES. Madrid, España: Editorial Complutense, 355p.
- Gutiérrez, J., Goyache, F., & Cervantes, I. 2010. Endog v4.8 – a computer program for monitoring genetic variability of populations using pedigree information. User's Guide. Universidad Complutense de Madrid. Madrid, España, 45p.
- Gutiérrez, J., Varona, L., Pun, A., Morante, R., Burgos, A., Cervantes, I., & Pérez-Cabal, M. A. 2011. Genetic parameters for growth of fiber diameter in alpacas. *Journal of Animal Science*, 89(8), 2310–2315. <https://doi.org/10.2527/jas.2010-3746>.
- Gutiérrez, J., Cervantes, I., Pérez, M., Burgos, A., & Morante, R. 2014. Weighting fibre and morphological traits in a genetic index for an alpaca breeding programme. *Animal*, 8(3),

360–369. <https://doi.org/10.1017/S1751731113002358>.

Gutiérrez, G., Gutiérrez, J., Huanca, T., & Wurzinger, M. 2019. Retos y oportunidades para el mejoramiento genético de alpacas y llamas en el Perú. En: Ruiz, J. (Eds). *Avances de Investigación En Camélidos Sudamericanos*, Huancavelica, Perú, 97–108.

Hack, W., McGregor, B., Ponzoni, R., Judson, G., Carmicheal, I., & Hubbard, D. 1999. Australian alpaca fibre: improving productivity and marketing. *Rural Industries Research and Development Corporation Research*, 2, 5–46.

Hayes, B., Bowman, P., Chamberlain, A., & Goddard, M. 2009. Invited review: genomic selection in dairy cattle: progress and challenges. *Journal of Dairy Science*, 92(2), 433–443. <https://doi.org/10.3168/jds.2008-1646>.

Hazel, L., & Lush, J. 1942. The efficiency of three methods of selection. *Journal of Heredity*, 33(11), 393–399. <https://doi.org/10.1093/oxfordjournals.jhered.a105102>.

Henderson, C. R. 1949. Estimation of changes in herd environment. *Journal of Dairy Science*, 32(8): 706-706. Recuperado de <http://www.acteon.webs.upv.es/ARTICULOS/HENDERSON%201949.pdf> [3 de octubre de 2021].

Hill, W. 1974. Prediction and evaluation of response to selection with overlapping generations. *Animal Production*, 18(2), 117–139. <https://doi.org/10.1017/S0003356100017372>.

Hill, W. 2014. Applications of Population Genetics to Animal Breeding, from Wright, Fisher and Lush to Genomic Prediction. *Genetics*, 196(1), 1–16. <https://doi.org/10.1534/genetics.112.147850>.

INACAL. 2014. Fibra de alpaca clasificada. Definiciones, clasificación por grupos de

calidades, requisitos y rotulado. Instituto Nacional de Calidad. Proyecto Norma Técnica Peruana 231.301, 1–8. <https://www.inacal.gob.pe/cid/categoria/normas-tecnicas-peruanas>.

INEI. 2012. IV Censo Nacional Agropecuario. Resultados Definitivos, 62p. <http://proyectos.inei.gob.pe/web/DocumentosPublicos/ResultadosFinalesIVCENAGRO.pdf>, recuperado 05 de diciembre 2020.

Jones, M., Sergeant, C., Richardson, M., Groth, D., Brooks, S., & Munyard, K. 2019. A non-synonymous SNP in exon 3 of the KIT gene is responsible for the classic grey phenotype in alpacas (*Vicugna pacos*). *Animal Genetics*, 50(5), 493–500. <https://doi.org/10.1111/age.12814>.

Kadwell, M., Fernandez, M., Stanley, H., Baldi, R., Wheeler, J., Rosadio, R., & Bruford, M. 2001. Genetic analysis reveals the wild ancestors of the llama and the alpaca. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*, 268(1485), 2575–2584. <https://doi.org/10.1098/rspb.2001.1774>.

Legarra, A., & Ducrocq, V. 2012. Computational strategies for national integration of phenotypic, genomic, and pedigree data in a single-step best linear unbiased prediction. *Journal of Dairy Science*, 95(8), 4629–4645. <https://doi.org/10.3168/jds.2011-4982>.

Legarra, A.; Baloche, G.; Barillet, F.; Astruc, J. M.; Soulas, C.; Aguerre, X.; de Heredia, I. B. 2014. Within-and across-breed genomic predictions and genomic relationships for Western Pyrenees dairy sheep breeds Latxa, Manech, and Basco-Béarnaise. *Journal of Dairy Science*, 97(5): 3200-3212. doi: 10.3168/jds.2013-7745.

León-Velarde, C., & Guerrero, J. 2001. Improving quantity and quality of Alpaca fiber; using a simulation model for breeding strategies. *The Third International Symposium on Systems Approaches for Agricultural Development*, 1–9. https://www.researchgate.net/publication/254416124_Improving_quantity_and_quality_of_Alpaca_fiber_using_a_simulation_model_for_breeding_strategies.

- Li, K. 2014. Modelling genomic selection schemes in Bavarian pig breeding programs using ZPLAN+. Technische Universität München - Lehrstuhl Für Tierzucht, 92p. <https://mediatum.ub.tum.de/doc/1222216/1222216.pdf>.
- Lopez, B., Kang, H., Kim, T., Viterbo, V., Kim, H., Na, C., & Seo, K. 2016. Optimization of swine breeding programs using genomic selection with ZPLAN+. *Asian-Australasian Journal of Animal Sciences*, 29(5), 640–645. <https://doi.org/10.5713/ajas.15.0842>
- Lourenco, D., Misztal, I., Wang, H., Aguilar, I., Tsuruta, S., Bertrand, J. 2013. Prediction accuracy for a simulated maternally affected trait of beef cattle using different genomic evaluation models. *J Anim Sci* 91, 4090-4098.
- Mamani, C. 2018. Mapa físico polimorfismos de nucleótido simple en alpaca (vicugna pacos) usando un panel de célula híbrida irradiada alpaca/hámster. Tesis para optar el grado de Magister. Universidad Nacional Agraria La Molina. Lima, Perú. 49p.
- Marín, J., Zapata, B., González, B., Bonacic, C., Wheeler, J., Casey, C., Bruford, M., Palma, R., Poulin, E., Alliende, M., & Spotorno, A. 2007. Sistemática, taxonomía y domesticación de alpacas y llamas: Nueva evidencia cromosómica y molecular. *Revista Chilena de Historia Natural*, 80(2), 121–140. <https://doi.org/10.4067/s0716-078x2007000200001>.
- Matukumalli, L., Lawley, C., Schnabel, R., Taylor, J., Allan, M., Heaton, M., O’Connell, J., Moore, S., Smith, T., Sonstegard, T., & Van Tassell, C. 2009. Development and Characterization of a High Density SNP Genotyping Assay for Cattle. *Plos One*, 4(4). <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0005350>.
- McCull, A. 2004. Methods for measuring microns. *Alpacas Magazine*. Herd Sire, 164–168.
- McGregor, B. 2006. Production, attributes and relative value of alpaca fleeces in southern Australia and implications for industry development. *Small Ruminant Research*, 61,

93–111. <https://doi.org/10.1016/j.smallrumres.2005.07.001>.

McGregor, B., Butler, K., & Ferguson, M. 2013. The relationship of the incidence of medullated fibres to the dimensional properties of Mohair over the lifetime of Angora goats. *Small Ruminant Research* 115, 40–50. <https://doi.org/10.1016/j.smallrumres.2013.08.010>.

Mendoza, M., Raudsepp, T., Alshanbari, F., Gutiérrez, G., & Ponce de León, F. 2019. Chromosomal localization of candidate genes for fiber growth and color in Alpaca (*Vicugna pacos*). *Frontiers in Genetics*, 10, 583. <https://doi.org/10.3389/fgene.2019.00583>.

Mendoza, M., Raudsepp, T., More, M., Gutiérrez, G., & Ponce de León, F. 2020. Cytogenetic mapping of 35 new markers in the alpaca (*Vicugna pacos*). *Genes*, 11(5), 522. <https://doi.org/10.3390/genes11050522>.

Meuwissen, T., Hayes, B., & Goddard, M. 2001. Prediction of total genetic value using genome wide dense marker maps. *Genetics*, 157(4), 1819–1829. DOI: 10.1093/genetics/157.4.1819.

Meuwissen, T.; Hayes, B.; Goddard, M. 2016. Genomic selection: A paradigm shift in animal breeding. *Animal frontiers*, 6(1): 6-14. doi: 10.2527/af.2016-0002.

Meyer, K. 1985. Maximum Likelihood Estimation of Variance Components for a Multivariate Mixed Model with Equal Design Matrices. *International Biometric Society*, 41(1), 153p. <https://doi.org/10.2307/2530651>.

MINAGRI. 2018. Situación de la Alpaca en el Perú. *Sumaq Alpaca*, Lima, Perú. 3p. <http://repositorio.minagri.gob.pe/xmlui/handle/MINAGRI/268>.

MINAGRI. 2019. Potencial productivo y comercial de la alpaca. Lima, Perú. 57p,

recuperado 13 de diciembre 2020. <https://www.minagri.gob.pe/portal/analisis-economico/analisis-2019?download=16050:potencial-productivo-y-comercial-de-la-alpaca>.

Mirkena, T., Duguma, G., Willam, A., Wurzinger, M., Haile, A., Rischkowsky, B., Okeyo, A., Tibbo, M., & Soelkner, J. 2012. Community-based alternative breeding plans for indigenous sheep breeds in four agro-ecological zones of Ethiopia. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 129(3), 244–253. <https://doi.org/10.1111/j.1439-0388.2011.00970.x>.

Misztal, I., Legarra, A., & Aguilar, I. 2009. Computing procedures for genetic evaluation including phenotypic, full pedigree, and genomic information. *Journal of Dairy Science*, 92(9), 4648–4655. <https://doi.org/10.3168/jds.2009-2064>.

Misztal, I., Tsuruta, S., Lourenco, D., Aguilar, I., Legarra, A., & Vitezica, Z. 2015. Manual for BLUPF90 family of programs. University of Georgia. Athens, USA, 1–125.

Morante, R., Goyache, F., Burgos, A., Cervantes, I., Pérez, M., & Gutiérrez, J. 2009. Genetic improvement for alpaca fibre production in the Peruvian altiplano: the Pacamarca experience. *Animal Genetic Resources Information*, 45, 37–43. <https://doi.org/10.1017/s1014233909990307>.

More, M., Gutiérrez, G., Rothschild, M., Bertolini, F., & Ponce de León, F. 2019. Evaluation of SNP genotyping in alpacas using the bovine HD genotyping beadchip. *Frontiers in Genetics*, 10, 361. <https://doi.org/10.3389/fgene.2019.00361>.

More, M., Ponce, D., Vivanco, W., Asparrin, M., & Gutiérrez, G. 2018. Genetic parameters for fleece weight and fibre characteristics in Huacaya alpacas. *Proceedings of the World Congress on Genetics Applied to Livestock Production*, 11, 780. <http://www.wcgalp.org/proceedings/2018/genetic-parameters-fleece-weight-and-fibre-characteristics-huacaya-alpacas>.

- Mrode, R. A. 2014. Linear models for the prediction of animal breeding values (3° ed.). Tarxien, Malta: CABI. doi: 10.1079/9781780643915.0000. file:///C:/Users/Jorgue%20Sedano/Downloads/vdoc.pub_linear-models-for-the-prediction-of-animal-breeding-values.pdf.
- Navajas, E., Ravagnolo, O., Aguilar, I., Ciappesoni, C., Peraza, P., Dalla, M., & Montossi, F. 2012. Desarrollo de una plataforma en selección genómica enfocada en el progreso genético animal. INIA de Uruguay – Estación Experimental Wilson Ferreira Aldunate, 1–4. <http://www.ainfo.inia.uy/digital/bitstream/item/988/1/128221131113093302.pdf>. recuperado 13 de abril 2021.
- Oldenbroek, K., & Van der waaij, L. 2015. Textbook Animal Breeding and Genetics for BSc students. Centre for Genetic Resources The Netherlands and Animal Breeding and Genomics Centre, 2015. Groen Kennisnet: <https://Wiki.Groenkennisnet.NI/Display/TAB/>.
- Paucar, R. 2019. Evaluaciones genéticas en alpacas. En: Ruiz, J. (Eds). Avances de Investigación En Camélidos Sudamericanos, Huancavelica, Perú, 109–117.
- Pinares, R., Gutiérrez, G., Cruz, A., Morante, R., Cervantes, I., Burgos, A., & Gutiérrez, J. 2018. Heritability of individual fiber medullation in Peruvian alpacas. *Small Ruminant Research*, 165, 93–100. <https://doi.org/10.1016/j.smallrumres.2018.04.007>.
- Pinares, R., Gutiérrez, G., Cruz, A., Burgos, A., & Gutiérrez, J. 2019. Variabilidad fenotípica del porcentaje de fibras meduladas en el vellón de alpaca Huacaya. *Revista de Investigaciones Veterinarias Del Peru*, 30(2), 699–708.
- Ponzoni, R. 2000. Genetic improvement of Australian Alpacas: present state and potential developments. Proceedings of the Australian Alpaca National Conference, Canberra, Australia, 25-27 August, 2000, 71–96.

- Ponzoni, R., Grimson, R., Hill, J., Hubbard, D., McGregor, B., Howse, A., Carmichael, I., & Judson, G. 1999. The inheritance of and association among some production traits in young Australian alpacas. *Proceedings of the Association for the Advancement of Animal Breeding and Genetics*, 13, 468–471.
- Quina, E., Renieri, C., Toro, O., Marquina, R., Peña, Y., & Pachacute, A. 2015. La aplicación de un modelo de mejoramiento genético en alpacas en la provincia de caylloma, Arequipa. En: *Seminario Internacional Sobre Desarrollo Rural En La Región Andina Amazónica*, 19 y 20 de Noviembre, 2015, Arequipa, Perú.
- Quispe, E. 2005. Mejoramiento genético y medioambiental de alpacas en la región de Huancavelica. *Proyecto de Inversión Pública a Nivel de Perfil*, Perú, Universidad Nacional de Huancavelica.
- Quispe, E., Alfonso, L., Paurcar, R., & Guillén, H. 2007. Predicción de respuesta a la selección de alpacas Huacaya en la Región Altoandina de Huancavelica. *Libro de Resúmenes Del I Congreso Nacional de Reproducción y Mejoramiento Genético de Camélidos Sudamericanos*. Huancavelica. Perú.
- Quispe, E., Alfonso, L., Flores, A., Guillén, H., & Ramos, Y. 2008. Bases to an improvement program of the alpacas in highland region at Huancavelica-Perú. *Archivos de Zootecnia*, 58(224), 705–716. <https://doi.org/10.21071/az.v58i224.5060>.
file:///C:/Users/Jorgue%20Sedano/Downloads/Bases_para_un_programa_de_mejora_de_alpacas_en_la_.pdf.
- Quispe, E., Alfonso, L., Flores, A., Guillén, H., & Ramos, Y. 2009. Bases to an improvement program of the alpacas in highland region at Huancavelica-Perú. *Archivos de Zootecnia*, 58(224), 705–716.
- 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. https://doi.org/doi:0.5209/rev_RCCV.2013.v7.n1.41413.

Ramos, A., Crooijmans, R., Affara, N., Amaral, A., Archibald, A., Beever, J., Bendixen, C., Churcher, C., Clark, R., Dehais, P., Hansen, M., Hedegaard, J., Hu, Z., Kerstens, H., Law, A., Megens, H., Milan, D., Nonneman, D., Rohrer, G., Groenen, M. 2009. Design of a high density SNP genotyping assay in the pig using SNPs identified and characterized by next generation sequencing technology. *PLoS ONE*, 4(8). <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0006524>.

Renieri, C., Antonini, M., & Frank, E. 2004. Fibre recording systems in camelids. In: Current status of genetic resources, recording and production system in African, Asian and American. ICAR Technical Series 11, Roma, Italia, 131-141.

Richardson, M., Munyard, K., Croft, L., Allnutt, T., Jackling, F., Alshanbari, F., Jevit, M., Wright, G., Cransberg, R., Tibary, A., Perelman, P., Appleton, B., & Raudsepp, T. 2019. Chromosome-level alpaca reference genome VicPac3.1 improves genomic insight into the biology of new world camelids. *Frontiers in Genetics*, 10, 1–15. <https://doi.org/10.3389/fgene.2019.00586>.

Rupp, R.; Mucha, S.; Larroque, H.; McEwan, J.; Conington, J. 2016. Genomic application in sheep and goat breeding. *Animal Frontiers*, 6(1): 39-44. doi: 10.2527/af.2016-0006.

Schaeffer, L., Wilton, J., & Thompson, R. 1978. Simultaneous Estimation of Variance and Covariance Components from Multitrait Mixed Model Equations. *International Biometric Society*, 34(2), 199–208. <https://doi.org/10.2307/2530010>.

Schaeffer, L. 2006. Strategy for applying genome-wide selection in dairy cattle. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 123(4), 218–223. <https://doi.org/10.1111/j.1439-0388.2006.00595.x>.

Escriba el texto aquí

Schoch, C., Ciufu, S., Domrachev, M., Hotton, C., Kannan, S., Khovanskaya, R., Leipe, D., McVeigh, R., O'Neill, K., Robbertse, B., Sharma, S., Soussov, V., Sullivan, J., Sun, L., Turner, S., & Karsch-Mizrachi, I. (2020). NCBI Taxonomy: A comprehensive update on curation, resources and tools. *Database*, 2020(2), 1–21.

<https://doi.org/10.1093/database/baaa062>.

Soares de Lima, J. 2009. Modelo bioeconomico para la evaluación del impacto de la genética y otras variables sobre la cadena cárnica vacuna en Uruguay. Tesis Doctoral. Universidad Politécnica de Valencia. Valencia, España. 269p.

Song, H.; Zhang, J.; Zhang, Q.; Ding, X. 2019. Using Different Single-Step Strategies to Improve the Efficiency of Genomic Prediction on Body Measurement Traits in Pig. *Frontiers in Genetics*, 9: 730. doi: 10.3389/fgene.2018.00730.

Täubert, H., Reinhardt, F., & Simianer, H. 2010. ZPLAN+, a new software to evaluate and optimize animal breeding programs. *Proceedings of the 9th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production*, 01 al 06 de agosto, 2010. Leipzig, Alemania.

Thomasen, J., Egger, C., Willam, A., Guldbrandtsen, B., Lund, M., & Sørensen, A. 2014. Genomic selection strategies in a small dairy cattle population evaluated for genetic gain and profit. *Journal of Dairy Science*, 97(1), 458–470. <https://doi.org/10.3168/jds.2013-6599>.

Van Der Werf, J. 2009. Potential Benefit of Genomic Selection in Sheep. *Proceedings of the Association for the Advancement of Animal Breeding and Genetics*, 38–41. https://www.asas.org/docs/default-source/wcgalp-proceedings-oral/351_paper_10381_manuscript_1648_0.pdf?sfvrsn=2.

VanRaden, P. M. 2008. Efficient methods to compute genomic predictions. *Journal of Dairy Science*, 91(11), 4414–4423. <https://doi.org/10.3168/jds.2007-0980>.

VanRaden, P. M., Van Tassell, C. P., Wiggans, G. R., Sonstegard, T. S., Schnabel, R. D., Taylor, J. F., & Schenkel, F. S. 2009. Invited review: Reliability of genomic predictions for North American Holstein bulls. *Journal of Dairy Science*, 92(1), 16–24. <https://doi.org/10.3168/jds.2008-1514>.

- Vilá, B. 2012. Camélidos sudamericanos. Colección Ciencia Joven Universidad de Buenos Aires, 40, 11–22.
- Villarroel, J. 1991. Las fibras (The fibres). En: Fernandez, S (Ed.). Avances y perspectivas del conocimiento de los Camélidos Sudamericanos. FAO, 363-386.
- Wang, H., Liu, X., & Wang, X. 2005. Internal structure and pigment granules in colored alpaca fibers. *Fibers and Polymers*, 6(3), 263–268. <https://doi.org/https://doi.org/10.1007/BF02875652>.
- Wiggans, G., & Cooper, T. 2010. Genomic Evaluations: Past, Present, Future. Dairy Cattle Reproductions Conference, 45–52. https://aipl.arsusda.gov/publish/other/2010/DCRC2010_grw.pdf, recuperado 09 de abril 2021.
- Wuliji, T., Davis, G. H., Dodds, K. G., Turner, P. R., Andrews, R. N., & Bruce, G. D. 2000. Production performance, repeatability and heritability estimates for live weight, fleece weight and fiber characteristics of alpacas in New Zealand. *Small Ruminant Research*, 37(3), 189–201. [https://doi.org/10.1016/S0921-4488\(00\)00127-9](https://doi.org/10.1016/S0921-4488(00)00127-9).
- Wurzinger, M., Willam, A., Delgado, J., Nürnberg, M., Zárate, A., Stemmer, A., Ugarte, G., & Sölkner, J. 2008. Design of a village breeding programme for a llama population in the High Andes of Bolivia. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 125(5), 311–319. <https://doi.org/10.1111/j.1439-0388.2007.00713.x>.
- Zoccola, M. 2014. Fibras proteicas: pelos finos (camélidos y cabras). Identificación, caracterización, clasificación y acondicionamiento. Cuaderno Tecnológico N°14. INTI-UE. Noviembre 2014, 1–23.