



**UNIVERSIDAD NACIONAL DEL ALTIPLANO**  
**FACULTAD DE CIENCIAS AGRARIAS**  
**ESCUELA PROFESIONAL DE INGENIERÍA AGRONÓMICA**



**ESTIMACIÓN DEL COEFICIENTE DE ENDOGAMIA Y  
TENDENCIAS GENÉTICAS Y FENOTÍPICAS PARA EL  
DIAMETRO DE FIBRA EN ALPACAS HUACAYA DE TOCCRA –  
AREQUIPA**

**TESIS**

**PRESENTADA POR:**

**Bach. DAVID RAMIRO HUARACALLO ALEMAN**

**PARA OPTAR EL TÍTULO PROFESIONAL DE:**

**INGENIERO AGRÓNOMO**

**PUNO – PERÚ**

**2021**



## DEDICATORIA

*A mis queridos y adorables padres: Andrés Huaracallo Huaman y Vicentina Alemán Alemán con Inmenso cariño y eterna gratitud por haberme forjado como persona, apoyado en los momentos difíciles de mi formación y la plena confianza depositada, hasta la culminación de mis estudios superiores.*

*Con fraternal afecto cariño a mis hermanos: Angélica, Santiago, Natividad, Martha y Juana E. quienes me alentaron en todo instante para culminar mis estudios y sus consejos para mi formación.*

*Y con mucho amor a Rosita Yaquelin C. T. Por la motivación, apoyo moral y afecto incondicional.*

***D. Ramiro Huaracallo***



## AGRADECIMIENTOS

Mi eterna gratitud al señor nuestro creador y guardián de nuestro andares por la vida, por ser mi fuerza y fortaleza en los momentos difíciles en el largo tiempo de mi formación siendo parte de mi aprendizaje y felicidad.

Al Centro Desarrollo Alpaquero Tocra Arequipa (CEDAT), por facilitarme los datos registrados de genealogía de la población total de alpacas.

A la Universidad Nacional del Altiplano, por haberme dado la oportunidad de forjarme como profesional en sus aulas. A la facultad de Ciencias Agrarias; Escuela Profesional de Ingeniería Agronómica, a sus autoridades docentes y personal administrativo, por haber compartido su enseñanza, orientación académica durante el periodo de mi formación profesional.

Al D.Sc. Javier Mamani Paredes; director del presente trabajo de investigación por su valiosa dirección, asesoría y aportes ofrecidas durante la ejecución tesis.

A los jurados dictaminadores: Ing. M. Sc. Luís Amílcar Bueno Macedo, Ing. M.Sc. Jesús Sánchez Mendoza y en especial al D. Sc. Alí William Canaza Cayo, por posibilitar la ejecución y culminación de la tesis contribuyendo al desarrollo de la misma.

Al Ing. Vilk Checalla Mamani por su gran apoyo en la parte estadística de la referida tesis, como también a la MVZ. Enma Quina Quina por facilitarme realizar el trabajo de investigación con los datos del CEDAT y DESCOSUR.

**D. Ramiro Huaracallo**



# ÍNDICE GENERAL

**DEDICATORIA**

**AGRADECIMIENTOS**

**ÍNDICE GENERAL**

**ÍNDICE DE FIGURAS**

**ÍNDICE DE TABLAS**

**ÍNDICE DE ACRÓNIMOS**

**RESUMEN ..... 10**

**ABSTRACT..... 11**

## **CAPÍTULO I**

### **INTRODUCCIÓN**

**1.1. OBJETIVO GENERAL ..... 13**

**1.2. OBJETIVOS ESPECÍFICOS..... 13**

## **CAPÍTULO II**

### **REVISIÓN DE LITERATURA**

**2.1. LA ALPACA ..... 14**

2.1.1. Población de alpacas en el mundo ..... 15

2.1.2. Población de alpacas en el Perú ..... 16

2.1.3. Población de alpacas de raza Huacaya en Perú ..... 17

**2.2. LA RAZA HUACAYA ..... 17**

**2.3. PARÁMETROS GENÉTICOS ..... 18**

2.3.1. Estimación de componentes de varianza ..... 18

2.3.2. Método de Máxima Verosimilitud Restringida ..... 18

2.3.3. Heredabilidad..... 19

**2.4. COEFICIENTE DE ENDOGAMIA ..... 19**



2.4.1. Efectos de la endogamia .....	22
2.4.2. Coeficiente de relación media (AR) .....	23
<b>2.5. FACTORES QUE INFLUYEN EN EL COEFICIENTE DE ENDOGAMIA EN UNA POBLACIÓN .....</b>	<b>23</b>
2.5.1. Tamaño de población.....	23
2.5.2. Tamaño efectivo de la población.....	24
2.5.3. Selección.....	26
<b>2.6. DIÁMETRO DE FIBRA EN ALPACAS.....</b>	<b>26</b>
2.6.1. Promedio del diámetro de fibra .....	26
2.6.2. Reportes de diámetro de fibra de alpaca.....	27
<b>2.7. ESTRUCTURA GENÉTICA.....</b>	<b>29</b>
2.7.1. Grado de profundidad de pedigree .....	29
2.7.2. Intervalo generacional .....	30
<b>2.8. TENDENCIAS GENÉTICAS Y FENOTÍPICAS .....</b>	<b>31</b>
2.8.1. Tendencias genéticas.....	31
2.8.2. Tendencia fenotípica.....	32
<b>CAPÍTULO III</b>	
<b>MATERIALES Y MÉTODOS</b>	
<b>3.1. LUGAR DE ESTUDIO. ....</b>	<b>33</b>
3.1.1. Registro de genealogía.....	33
3.1.2. Registros productivos .....	33
3.1.3. Materiales y equipos .....	34
<b>3.2. METODOLOGÍA DE INVESTIGACIÓN .....</b>	<b>34</b>
3.2.1. Software para calcular el Coeficiente de endogamia (F).....	34



### **3.3. ESTIMACIÓN DE PARÁMETROS GENÉTICOS Y VALORES**

<b>GENÉTICOS.....</b>	<b>36</b>
3.3.1. Modelo animal .....	37
3.3.2. Heredabilidad.....	38

## **CAPÍTULO IV**

### **RESULTADOS Y DISCUSIÓN**

<b>4.1. ANÁLISIS DE LA ESTRUCTURA GENÉTICA.....</b>	<b>39</b>
4.1.1. Coeficiente de endogamia (F).....	40
4.1.2. Intervalo generacional .....	42
<b>4.2. TENDENCIA GENÉTICA Y FENOTÍPICA PARA LAS CARACTERÍSTICAS DE FIBRA DE ALPACAS DEL CENTRO CEDAT ...</b>	<b>45</b>
4.2.1. Tendencia genética para el promedio del diámetro de fibra.....	45
4.2.2. Tendencia fenotípica para el promedio del diámetro de fibra .....	47
<b>4.3. ESTIMACIÓN PARÁMETROS GENÉTICOS, FENOTÍPICOS, AMBIENTAL Y HEREDABILIDAD PARA EL PROMEDIO DE DIÁMETRO DE FIBRA EN ALPACAS DEL CEDAT.....</b>	<b>48</b>
<b>V CONCLUSIONES .....</b>	<b>50</b>
<b>VI RECOMENDACIONES .....</b>	<b>51</b>
<b>VII REFERENCIAS.....</b>	<b>52</b>
<b>ANEXOS.....</b>	<b>58</b>

**Área :** Producción Animal

**Tema :** mejoramiento genético animal

**Fecha de sustentación:** 29 de noviembre 2021



## ÍNDICE DE FIGURAS

<b>Figura 1.</b> Profundidad del pedigree del Centro CEDAT - Arequipa. ....	39
<b>Figura 2.</b> Tendencia de la endogamia de alpacas según el sexo y tendencia general durante el periodo 2008 a 2018 en alpacas de la raza Huacaya. ....	42
<b>Figura 3.</b> Tendencia genética y fenotípica para el promedio del diámetro de fibra. ....	46



## ÍNDICE DE TABLAS

<b>Tabla 1.</b> Distribución mundial de alpacas.....	16
<b>Tabla 2.</b> Distribución nacional de alpacas. ....	17
<b>Tabla 3.</b> Niveles de endogamia en la población de alpacas del CEDAT.....	41
<b>Tabla 4.</b> Intervalo de generación (años) y media de edades de los padres al nacimiento de sus progenies de la población de Alpacas de Tocra - Arequipa. ....	43
<b>Tabla 5.</b> Valores genéticos y fenotípicos promedios, mínimos y máximos para el diámetro de fibra de alpacas del CEDAT.....	45
<b>Tabla 6.</b> Numero de observaciones (N), media de mínimos cuadrados $\pm$ error estándar del diámetro promedio de fibra según los efectos fijos ambientales de año de nacimiento, color de fibra y sexo en alpacas del CEDAT. ....	47
<b>Tabla 7.</b> Estimaciones de parámetros fenotípicos, genéticos, ambiental y heredabilidad $\pm$ error estándar para diámetro promedio de fibra en alpacas del CEDAT. ....	49



## ÍNDICE DE ACRÓNIMOS

PDF	:	Promedio del diámetro de fibra
CEDAT	:	Centro de Desarrollo Alpaquero de Toccra
FAO	:	La Organización de las Naciones Unidas para la Alimentación y la Agricultura
CENAGRO	:	Censo Nacional Agropecuario
$\mu\text{m}$	:	Micrómetros
CVPDF	:	Coefficiente de variación del promedio de diámetro de fibra
CSD	:	Camélidos sudamericanos
BLUP	:	El mejor predictor lineal incesgado
DESCOSUR	:	Centro de estudios y promoción del desarrollo del sur.
ENA	:	Encuesta nacional agropecuaria
AR	:	Coefficiente de relación media
F	:	Coefficiente de endogamia
EPR	:	Edad del padre reproductor
EPN	:	Edad del padre al nacimiento



## RESUMEN

El presente trabajo de investigación se realizó en el Centro de Desarrollo Alpaquero Toccra (CEDAT); del departamento de Arequipa, con el objetivo de estimar el coeficiente de endogamia y; las tendencias genéticas y fenotípicas para el promedio de diámetro de fibra en alpacas Huacaya. Se utilizó los datos de 1771 alpacas Huacaya entre machos y hembras con sus respectivos registros de empadre controlado, parición y de evaluación de las características textiles del promedio de diámetro de fibra (PDF), y el coeficiente de variación del mismo desde 2004 a 2018. La estimación de las tendencias genéticas se realizó mediante la aplicación del modelo animal, el análisis de la estructura genética y coeficiente de endogamia (F) en el software ENDOG. Los resultados revelaron que el valor de F de la población fue 0.27%, y el número de animales endogámicos encontrados fue 2.32%, la tendencia genética para el PDF fue 0.20 a - 1.07  $\mu\text{m}$ , dando un resultado de tendencia negativa para esta característica, encontrando también valores mínimas entre -1.18 a - 3.16  $\mu\text{m}$  y máximas de 14.4 a 1  $\mu\text{m}$ . Las tendencias fenotípicas para el PDF fue 21.34 a 18.17  $\mu\text{m}$ , resultando una tendencia negativa, y para los valores mínimos y máximos para este carácter resultó 17.12 a 14.70 y 29.58 a 21-70  $\mu\text{m}$ . Se concluye que la endogamia es mínima y las tendencias genéticas y fenotípicas son convenientes y existen buenas respuestas a la selección en la población de alpacas del CEDAT de Arequipa.

**Palabras clave:** Mejoramiento genético, valores genéticos, endogamia, estructura genética, tamaño efectivo.



## ABSTRACT

This research work was carried out at the Alpaquero Tocra Development Center (CEDAT); from the department of Arequipa, in order to estimate the coefficient of inbreeding and; the genetic and phenotypic trends for the average fiber diameter in Huacaya alpacas. Data from 1,771 Huacaya alpacas between males and females were used with their respective records of controlled breeding, calving and evaluation of the textile characteristics of the average fiber diameter (PDF), and the coefficient of variation of the same from 2004 to 2018. The estimation of the genetic tendencies was carried out by applying the animal model, the analysis of the genetic structure and the coefficient of inbreeding (F) in the ENDOG software. The results revealed that the F value of the population was 0.27%, and the number of inbred animals found was 2.32%, the genetic tendency for PDF was 0.20 to - 1.07  $\mu\text{m}$ , giving a negative tendency result for this characteristic, finding also minimum values between -1.18 to - 3.16  $\mu\text{m}$  and maximum values of 14.4 to 1  $\mu\text{m}$ . The phenotypic trends for PDF were 21.34 to 18.17  $\mu\text{m}$ , resulting in a negative trend, and for the minimum and maximum values for this character it was 17.12 to 14.70 and 29.58 to 21-70  $\mu\text{m}$ . It is concluded that inbreeding is minimal and the genetic and phenotypic tendencies are convenient and there are good responses to the selection in the alpaca population of the CEDAT of Arequipa.

Keywords: Genetic improvement, genetic values, inbreeding, genetic structure, effective size.



# CAPÍTULO I

## INTRODUCCIÓN

En la actualidad la población de alpacas en el Perú, se ha incrementado en un 11.21% en los últimos años de 2016 a 2017 (INEI – ENA, 2017), esta es la única especie de soportar y adaptarse al cambio climático en las cordilleras andinas, en que se prioriza su crianza y su mejoramiento genético en la misma. La región de Arequipa es uno de los productores de alpacas Huacaya, donde el sustento económico de las familias de la sierra de Arequipa en especial de Caylloma sector Toccra, es a base de venta de canal y fibra de alpaca, en lo cual los precios varían de acuerdo al tipo de carcasa y finura de fibra.

El programa de mejoramiento genético en el Centro de Desarrollo Alpaquero Toccra (CEDAT), se implementó con la finalidad de mejorar la calidad y finura de fibra cuantitativa y cualitativamente, aplicando los criterios de peso de vellón, diámetro de fibra y coeficiente de variabilidad, (Quina *et al.*, 2016), el CEDAT registra información del avance de trabajo desde hace 12 años, aplicando un sistema de mejoramiento genético de núcleo abierto, estos datos obtenidos no fueron evaluados para su uso y masificación en beneficio de las familias del mismo sector y distrito.

Debido al incremento de la población de alpacas, el manejo de ganado domestico se tiene siempre en consideración el parentesco que puede existir entre dos animales que se empadran debido a la endogamia que pueda resultar en la descendencia y que traerá como consecuencia problemas de tipo morfológico o productivo. Las malformaciones congénitas debido a este efecto, es decir, a altos grados de endogamia, son mayores al 25% (Buxadé, 1995). La endogamia adquiere mayor relevancia en caso de los caracteres productivos debido a un ligero incremento de la endogamia como el 1% dentro de la



población puede causar pérdidas económicas a largo plazo por una reducción en la productividad animal.

En el presente trabajo de investigación tiene como objetivo estimar el coeficiente de endogamia, las tendencias genéticas y fenotípicas para el promedio de diámetro de fibra, del Centro de Desarrollo Alpaquero Toccra (CEDAT), el programa de mejoramiento genético y la recolección de datos son propios del CEDAT con la finalidad de obtener resultados positivos.

Para esta evaluación se utilizó los siguientes registros: identidad del Padre, identidad de la Madre, tipo de vellón, color, sexo, peso animal, peso de vellón. Todos estos datos de registro fueron evaluados y procesados para llegar a resolver los objetivos planteados.

### **1.1. OBJETIVO GENERAL**

- Estimar el coeficiente de endogamia, las tendencias genéticas y fenotípicas para el promedio de diámetro de fibra en alpacas Huacaya del Centro Desarrollo Alpaquero Toccra del departamento de Arequipa.

### **1.2. OBJETIVOS ESPECÍFICOS**

- Estimar el coeficiente de endogamia en Alpacas Huacaya.
- Estimar las tendencias genéticas y fenotípicas para el promedio de diámetro de fibra en Alpacas Huacaya.



## CAPÍTULO II

### REVISIÓN DE LITERATURA

#### 2.1. LA ALPACA

La alpaca es el camélido productor de fibra más importante, considerado el producto bandera del Perú, la raza Huacaya y Suri se describen con dos tipos de vellones distintas, la alpaca Huacaya se caracteriza por tener un vellón compacto, esponjoso y con fibras finas, suaves y onduladas. La alpaca Suri presenta fibras de gran longitud organizadas en rizos colgantes (Antonini, *et al.*, 2004; Hoffman y Fowler, 1995; FAO, 2005). Wuliji *et al.* (2000)

Existen dos razas de alpaca y cada uno se identifica según su tipo de vellón, la clasificación de raza puede ser menos relevante en algunas especies como en los camélidos; sin embargo, la categoría de raza puede ser utilizada como una estructura general que abarque todos los tipos de poblaciones domésticas (Renieri *et al.*, 2009; Presciuttini *et al.*, 2010; FAO, 2012)

Según los análisis genéticos a nivel molecular (ADN) determinaron posibles evidencias, que la alpaca es el resultado de la domesticación de la vicuña que ha ocurrido en los andes centrales del Perú hace 7000 años (Gentry, *et al.*, 2004; Kadwell *et al.*, 2001; Wheeler, 2012). En la taxonomía la alpaca queda clasificada como:

Clase : Mamalia  
Orden : Artiodáctyla  
Sub orden : Tylópoda  
Familia : Camelidae  
Sub familia : Camelinae



Tribu	:	Lamini
Género	:	Vicugna
Especie	:	<i>Vicugna pacos</i> L.

### 2.1.1. Población de alpacas en el mundo

A finales de la década de los 80 la crianza de alpacas dejó de ser exclusiva de América del Sur, países como Estados Unidos, Australia, Nueva Zelanda alcanzaron importantes avances en su crianza y mejoramiento genético; este avance se debe a que estos países han tomado en cuenta aspectos claves en el desarrollo de esta ganadería (Saldaña, 2017). Lo cual tiene una distribución reducida; hallándose en las regiones andinas de América del Sur a una altura de 5 000 metros sobre el nivel del mar. Vive en Perú, Bolivia, Chile, Argentina, pero en la actualidad está presente en países como Estados Unidos, países bajos, Australia y Nueva Zelanda. A pesar de esto, el 99% de las Alpacas viven en Sudamérica. Habita las montañas, sabanas y pastizales del altiplano andino, cerca de las zonas húmedas y con temperaturas por debajo de los cero grados centígrados durante las noches. Donde se puede definir que, Perú tiene el mayor número de alpaca en el mundo con 4.3 millones (72%) seguido por Bolivia (8.6%), Australia (8.2%), Estados Unidos (5.8%), entre otros (ver tabla 01). Los números están creciendo a nivel mundial; Australia anuncia que va establecer una población nacional de 1 millón de alpacas, China después de su investigación de 10 años, declaran que van a crear su propia audiencia de 6 millones de alpacas y similarmente otros países, esa tendencia general podría convertirse en una amenaza para el primer lugar del Perú (MIDAGRI, 2020).

**Tabla 1.** Distribución mundial de Alpacas

<b>DISTRIBUCION MUNDIAL DE ALPACAS 2018</b>		
<b>País</b>	<b>Alpacas</b>	<b>%</b>
Perú	4,350,000	71.7
Bolivia	520,000	8.6
Australia	500,000	8.2
Estados Unidos	350,000	5.8
Países Europeos	150,000	2.5
Canadá	55,000	0.9
Nueva Zelanda	45,000	0.7
Chile	38,000	0.6
China	12,000	0.2
Sudáfrica	10,000	0.2
Ecuador	6,000	0.1
Israel	5,000	0.1
Demás Países	25,000	0.4
<b>Total</b>	<b>6,066,000</b>	<b>100.0</b>

Fuente: MIDAGRI (2020)

### 2.1.2. Población de alpacas en el Perú

El Departamento de Puno es el que posee la mayor proporción de alpacas seguido por Cusco, Huancavelica y Arequipa. Esto está en relación con la extensión de las praderas alto andinas existentes, por consiguiente a nivel nacional, en el año 2019, se registró 4 millones 350 mil alpacas; siendo Puno el que tiene la mayor población de alpacas con más de 2 millones de unidades, seguido por Cusco con 669 mil, Arequipa con 430 mil, Ayacucho y Huancavelica con 309 y 270 mil respectivamente ( ver tabla 2), también se observa una crianza de alpacas en otras regiones pero en cantidades muy pocas (MINAGRI 2020 ).

**Tabla 2.** Distribución nacional de alpacas.

<b>POBLACIÓN NACIONAL DE ALPACAS 2019</b>		
<b>REGIÓN</b>	<b>ALPACAS</b>	<b>%</b>
Puno	2,035,280	46.3
Cusco	669,366	15.2
Arequipa	430,134	9.8
Ayacucho	309,833	7.0
Huancavelica	270,053	6.1
Apurímac	215,325	4.9
Demás Regiones	470,009	10.7
<b>Total</b>	<b>4,400,000</b>	<b>100.0</b>

Fuente: MIDAGRI (2020)

### 2.1.3. Población de alpacas de raza Huacaya en Perú

En el Perú se estima un total de 2 909 212 unidades de alpacas Huacaya, esta representa el 78.94% a nivel nacional, el departamento que tiene el mayor número de esta casta es Puno con 1 209 716 animales, que representa el 82.86%. Un considerable proporción se encuentra en la región de Cusco con 399 611 alpacas que simboliza el 73.26%. Arequipa registra 353 658 animales de este linaje donde representa el 75.5%, Huancavelica también tiene un grupo poblacional considerable de esta familia, en el cual anota 255 472 unidades, lo cual indica el 82.79%, Ayacucho apunta los 158045 animales de este tipo, que nos muestra el 68.44% y finalmente Apurímac cuenta con una población de alpacas de esta línea con 157 985 animales que representa 72.1% de su población de camélidos (CENAGRO, 2012).

## 2.2. LA RAZA HUACAYA

La Huacaya es el tipo de alpaca predominante. Su fina y voluminosa fibra ofrece la más amplia variedad de tonos naturales. Este tipo de animales tienen una contextura armoniosa dando la apariencia de fuerza y atracción. Alrededor del 90% de la población



de alpacas en el Perú son Huacaya, el color de la fibra es variado, va del blanco al negro y presenta tonalidades de marrón claras y oscuras, también gris plata y el color vicuña, el vellón resultante puede ser de colores únicos y mezclados. Sus fibras presentan una alta variabilidad en color, diámetro medio, longitud, resistencia a la tensión, elasticidad, flexibilidad y otras características (Brenes *et al.*, 2001).

## **2.3. PARÁMETROS GENÉTICOS**

### **2.3.1. Estimación de componentes de varianza**

Los componentes de varianza y covarianza son parámetros poblacionales esenciales, tanto para la investigación, como para la práctica de mejoramiento genético animal, dado que posibilitan la estimación de parámetros asociados a esta (coeficientes de heredabilidad) y la predicción de los méritos genéticos de los animales (Silva, 2009). Estos parámetros son inherentes a determinadas poblaciones y pueden cambiar con el tiempo, debido a cambios en su estructura genética (Koots *et al.*, 1995).

La estimación de los componentes de varianza y covarianza, dependen en gran medida del buen balance de datos de la población, del nivel de conexión entre animales y de la cantidad de información disponible por animal.

### **2.3.2. Método de Máxima Verosimilitud Restringida**

La estimación de componentes de varianza mediante restricted maximum likelihood, REML. Requiere de procedimientos que permitan encontrar el punto óptimo de una función conforme a la cantidad de datos requeridos de la derivada de dicha función, existen básicamente tres grupos de métodos para conseguir este propósito: i) los que utilizan la primera y segunda derivada, ii) los que utilizan sólo la primera derivada; y por último iii) los libres de derivadas. El algoritmo libre de derivadas fue sugerido para el análisis univariado, destinado a la estimación de



componentes de varianza de los efectos genéticos aditivos y del error, bajo el modelo animal (Meyer, 2007).

Meyer *et al.* (2007) Boldman, *et al.* (1993), extendieron este método para análisis multivariados, bajo modelo animal, con dos o más efectos aleatorios además del error. El uso del método libre de derivadas se dedujo a partir de la simplificación del logaritmo de la verosimilitud restringida, a la distribución normal, presentado por Searle y Harville.

### **2.3.3. Heredabilidad**

La heredabilidad ( $h^2$ ) o índice de herencia de un carácter es la proporción de la variancia fenotípica debida a la variancia genética aditiva del carácter a evaluar (Gutiérrez, 2008). Es también equivalente a la regresión del valor mejorante sobre el fenotipo y es el parámetro genético más importante en mejora genética. La heredabilidad en sentido estricto ( $h^2$ ) es la fracción de la variabilidad fenotípica que es de origen genético aditivo (caballero, 2017; Falconer y Mackay, 1996).

## **2.4. COEFICIENTE DE ENDOGAMIA**

La endogamia se refiere al apareamiento no aleatorio en donde la probabilidad de que un individuo sea autocigoto (con alelos idénticos por descendencia) es mayor que para una población panmictica (todos los individuos tienen la misma probabilidad de aparearse). Por lo tanto, la endogamia representa una transgresión al supuesto de la panmixia (el apareamiento es al azar), y reduce el número real de individuos reproductivos. Además, una endogamia intensa, producida por ejemplo por auto fertilización, también reduce la heterocigosis, y el tamaño poblacional es más parecido al de una población haploide (Hedrick, 2000).



La endogamia es simplemente el cruce entre dos individuos emparentados, lo que significa que tiene uno o más antepasados en común. Cuando más cercano sea el parentesco entre dos animales, mayor es el porcentaje de endogamia en la progenie resultante (Ralls *et al.*, 2013) es así como la endogamia constituye una práctica común en el desarrollo y la propagación de las razas de animales para intentar concentrar características de interés económico en la progenie. Para muchas especies pecuarias, los caracteres de importancia económica son aquellos que afectan la productividad, longevidad, salud y capacidad reproductiva de los animales (FAO, 2010).

En general, los animales no se consideran endogámicos si no hay un ancestro común en las últimas 5 generaciones. La endogamia se puede dar en forma de varios cruces: a) apareamiento hermano /hermana, b) padre / hija o apareamientos madre /hijo. c) medio hermano /media hermana. D) abuelo /nieta o abuela /nieto, e) tío /sobrina o sobrino / tía. Aunque en el apareamiento entre primos la endogamia no es tan marcada como en los anteriores, no debería ser considerado a menos que sea absolutamente necesario para evitar la pérdida de una raza común (Guitou, 2010).

El grado esperado de parentesco entre los individuos de la población depende del tamaño de esta, debido a que, cuando menor sea este tamaño, menor será el máximo número de antepasados independientes. En organismos con sexos separados un individuo tiene 2 padres, 4 abuelos, 8 bisabuelos, en general  $2^t$  antepasados hace  $t$  generaciones. Es decir, todos estamos emparentados en mayor o menor grado dependiendo del tamaño de nuestra población (Sewall y Wright, 2006)

Dos individuos emparentados pueden llevar copias exactas de uno de los genes de un antepasado común y, se aparean, pueden pasar ambos genes a alguno de sus hijos que sería homocigoto para genes idénticos por descendencia. La endogamia acumulada en



una población se mide a través de un parámetro, el coeficiente de endogamia ( $F$ ) que es la probabilidad de que 2 genes, en un locus de un individuo de la población, sean idénticos por descendencia, este coeficiente se puede utilizar como una medida del parentesco de los padres. Si los padres aparean al azar (panmixia), el coeficiente de endogamia es la probabilidad de que dos gametos de la generación parental lleven genes idénticos por descendencia. El coeficiente de endogamia ( $F$ ) fue definida por Wright como la correlación entre parejas de gametos; ambas definiciones no son exactamente idénticas, aunque los valores coinciden, en poblaciones naturales. (Sewall y Wright, 2006)

$F$  refiere a una población base explícita o implícita pues, si no se especifica, todos los genes en un locus serían copias de un gen ancestral suficientemente remoto. En la población base,  $F = 0$ . En generaciones posteriores,  $F$  expresa el cambio ocasionado por el proceso de endogamia. (Sewall y Wright, 2006)

El coeficiente de endogamia es la probabilidad de que dos alelos en un mismo locus sean idénticos por descendencia (Calboli *et al.*, 2008; Simm, 1998; Falconer y Mackay, 1996). Esta probabilidad se refiere a un solo individuo y expresa el grado de parentesco entre sus padres. Se denota el coeficiente de endogamia como  $F$  de Sewall Wright el cual se obtiene mediante la siguiente fórmula (Spike, 2009).

$$F_z = \frac{1}{2} \left\{ \sum \left[ \left( \frac{1}{2} \right)^n (1 + F_a) \right] \right\}$$

Siendo:

$F_z$  = coeficiente de endogamia del individuo  $z$

$\sum$  = la sumatoria de las contribuciones de todas las rutas que deberían ser sumadas.



$n$  = número de segregaciones en una ruta que causa un parentesco entre el padre y la madre de  $Z$ .

$F_a$  = coeficiente de endogamia del ancestro común de cada ruta de parentesco.

Como se puede apreciar, el coeficiente de endogamia de una cría es un medio de la relación del numerador aditivo entre sus padres, por lo tanto, el numerador promedio de parentesco entre candidatos padres son útiles para predecir endogamia futura, también conocido como coeficiente de coancestría (Márquez *et al.*, 2010).

#### **2.4.1. Efectos de la endogamia**

La endogamia ha sido considerada una herramienta importante a ser usada en el desarrollo de hatos con núcleos genéticos con alta prepotencia para resaltar y por lo tanto hacen posible la eliminación de defectos genéticos ocultos y el incremento de la frecuencia de genes deseables en la población. Desafortunadamente, el proceso incrementa la homocigosidad para cualquier gen que esté presente, incluyendo los menos deseables, lo que trae como consecuencia que el mérito genético se reduce en algunos caracteres. Por lo tanto, la habilidad para usar la endogamia en forma efectiva que permita mejorar el mérito en animales domésticos, depende mucho de la oportunidad de uno, para seleccionar dentro de la población endogámica. La oportunidad para seleccionar, depende críticamente de la tasa de reproducción de la población. En una población que está siendo mantenida a un tamaño constante, una disminución en la tasa de reproducción reduce no solamente la habilidad para seleccionar eficazmente sino también el valor total de la producción Panneto *et al.* (2010).

En el largo plazo, la endogamia representa una importante desviación de la panmixia y tiene efectos importantes que pueden afectar fuertemente cantidades de



biodiversidad, primero la alta homocigosidad reduce el tamaño efectivo de la población. Segundo, reduce la frecuencia efectiva de recombinación en todo el genoma y finalmente incrementa la separación entre individuos y poblaciones (Charlesworth, 2003).

Los efectos negativos de la endogamia puede ser resumido como: depresión consanguínea, pérdida de la variabilidad genética y aumento en la frecuencia de genes recesivos detrimentales en estado de homocigosis (König *et al.*, 2010)

#### **2.4.2. Coeficiente de relación media (AR)**

El coeficiente de relación media (AR) de un animal fundador indica su genética y contribución a la población. Por tanto, la AR se puede utilizar como alternativa o complemento del F, para predecir la endogamia de una población a largo plazo, ya que considera el porcentaje de pedigrí completo proveniente de un fundador (Gutiérrez y Goyache, 2005).

El coeficiente de relación media de cada individuo se define como la probabilidad de que un alelo elegido al azar de toda la población en el pedigree pertenece a un animal dado. Luego el AR puede interpretarse como una representación del animal en todo el pedigree independientemente del conocimiento de su pedigree (Gutiérrez y Goyache, 2005).

### **2.5. FACTORES QUE INFLUYEN EN EL COEFICIENTE DE ENDOGAMIA EN UNA POBLACIÓN**

#### **2.5.1. Tamaño de población.**

En términos generales, restricciones en el tamaño de las poblaciones o rodeos cerrados lleva a que sea mayor la probabilidad de que ocurran apareamientos entre parientes. Cuando menor sea el número de progenitores mayor va a ser la tasa de



endogamia. La relación entre la tasa de endogamia ( $\Delta F$ ) y el tamaño de una población, define como ideal, que se compone de  $N$  individuos de cría.

$$\Delta F = \frac{1}{2} N$$

Una población ideal es una población en la cual cualquier gameto tiene la misma probabilidad de unirse con cualquiera. Es decir que podríamos definirla como una población cerrada, sin inmigración ni emigración, compuesta por Individuos diploides que producen igual número de gametos cada uno y en el cual los apareamientos son al azar.

Resulta importante mencionar que los riesgos de la depresión productiva-reproductiva por endogamia son más altos en pequeños rebaños, característicos de sistemas de escasos recursos; sin embargo esto se puede sobrellevar utilizando una esquema con machos de referencia, tal como refiere Lewis y Simm (2000), quienes encuentran, en ovinos bajo dicho esquema durante una evaluación de 15 años de selección, una tasa de 0.3/año (menos de 1% por generación).

El tamaño población tiene un vínculo directo con la permanencia de las poblaciones y en consecuencia con la probabilidad de extinción de las especies (Reed, 2004), ya que entre más pequeña sea una población menor será su diversidad genética, estará sujeta al azar demográfico y aumentara su probabilidad de extinción (Karron, 1997; Morgan, 1999; Vergeer *et al.*, 2003).

### **2.5.2. Tamaño efectivo de la población.**

En las poblaciones reales existe un alejamiento de la condición ideal, por lo cual la evaluación del incremento de endogamia en una población requiere del tamaño efectivo ( $N_e$ ). Esta es una mejor medida que el número total de animales de cría como indicador de la tasa de endogamia de una población. El tamaño efectivo de una



población es el número de individuos que determinara cierto incremento de endogamia, si la población fuera ideal. Cada generación nueva hereda la mitad de sus genes de sus machos y la otra mitad de sus hembras, esto es significativo en caso de que la proporción de machos y hembras que se usan para la reproducción sea desigual (Rojas, 2005). El tamaño efectivo de la población es importante en relación al aumento de la endogamia, en poblaciones con pocos animales, todos estarán emparentados entre sí, en unas pocas generaciones.

La base intuitiva del concepto de tamaño efectivo de la población ( $N$ ) propuesta por Swall Wright está asociada al tamaño poblacional que es relevante en términos evolutivos, esto es, el número de individuos reproductivos, ya que son estos los que contribuyen a la generación siguiente en términos demográficos y sobre todo genéticos (Wright, 1969; Hedrick, 2000). Sin embargo no existe una definición precisa de este concepto, por lo que la mayoría de las definiciones se refiere al número de individuos en una población cuya heterocigosis decrece a una tasa  $k=1/2N$ , donde  $N$  es el numero poblacional (Merrel, 1981). Dicha población, considerada como ideal, debe cumplir las siguientes condiciones.

- El número de hembras debe ser igual al de los machos.
- El apareamiento es al azar (panmixia)
- Todos los individuos contribuyen genéticamente a la siguiente generación.
- La fecundidad por familia tiene una distribución de Poisson, es decir, que los individuos reproductivos únicamente se reemplazan en la población a la siguiente generación.
- La población está en equilibrio de Hardy – Weinberg.



Si una población cumple con todos estos requisitos, el tamaño efectivo es igual al tamaño censal. Sin embargo las variaciones en uno de estos supuestos o en varios afectan el tamaño efectivo de la población.

### **2.5.3. Selección**

El uso de tecnologías de reproducción como la inseminación artificial y el trasplante de embriones aumenta la intensidad de selección, además de que incrementa el coeficiente de parentesco dentro de algunas razas a través de la reducción del número efectivo de padres (McDaniel, 2001 y Mackinnon, 2003).

Al utilizar información del individuo y también la información familiar, usualmente los animales tienen valores de cría similares, por lo que tienden a ser seleccionados o eliminados en grupo, aumentando el parentesco entre los individuos y la raza, disminuyendo la varianza genética y la respuesta a la selección (Quinton *et al.*, 1992 y Mackinnon, 2003)

## **2.6. DIÁMETRO DE FIBRA EN ALPACAS**

### **2.6.1. Promedio del diámetro de fibra**

El diámetro medio de fibra (PDF) de una muestra representativa del vellón está expresado en micrómetros ( $\mu\text{m}$ ), lo cual define la finura. Este parámetro físico es considerado el principal criterio de selección en poblaciones de alpaca de todo el mundo (Frank *et al.*, 2006). La clasificación de los vellones se basa principalmente en la finura, ya que permite una mejor valoración al momento de la comercialización (Quispe, *et al.*, 2013). Hasta nuestros días la medición del diámetro de la fibra representaba, una característica principal e importante en la evaluación y



categorización de fibras de origen animal, ya que este es el principal carácter evaluado por la industria textil (Arias, 2018).

### **2.6.2. Reportes de diámetro de fibra de alpaca**

Se refiere al diámetro que existe cuando la fibra se corta transversalmente (Gillespie *et al.*, 2010). Se mide en micrones (micras), lo que equivale a una milésima parte de un milímetro; el diámetro de fibra es ampliamente reconocido como una característica más importante de la fibra. En consecuencia, las fibras más finas pueden ser transformados en hilos de tal manera que se adecuen para la confección de una gran variedad de productos textiles (Cottle *et al.*, 2010).

El diámetro de fibra está sujeto a variación, la misma que depende de las características genéticas, el medio ambiente de donde provienen y el color del vellón (calle, 1982). Las variaciones en el diámetro son causadas también por cambios fisiológicos en el animal debido a la nutrición, gestación, lactación, destete o enfermedades, así como por factores tales como la edad, sexo, raza, temperatura, fotoperiodo, estrés, época del año, época de empadre, época de esquila, sanidad y otros factores característicos del medio ambiente alto andino (Solís, 1997). Con respecto al diámetro de fibra en periodos de sequía en el altiplano disminuye aproximadamente en 5 micras (Buztinza, 2001).

El diámetro de fibra resulta un parámetro muy importante en el trabajo de Lupton *et al.* (2006) quien analizo 585 muestras de vellón de alpacas norteamericanas de distintos sexos y edades, encontrando diámetros de fibras de 26.7 micras para hembras y 27.1 micras para machos; con respecto a la edad encontró valores de 24.3 micras, 26.5 micras y 30.1 micras para alpacas de uno, dos y tres o más años de edad, respectivamente.



Gregor (2006) nos indica que al estudiar alpacas criadas en Australia encontró que el 10% de alpacas Huacaya presentan un diámetro medio de 24 micras y más del 50% estaban en 29.9 micras.

El diámetro de fibra para las alpacas de la provincia de Tarata, según el sexo es de  $23,03 \pm 4.16 \mu$  y  $21.24 \pm 3.44 \mu$  para hembras y machos respectivamente, siendo estos diferentes en donde existe diferencia estadística altamente significativa ( $p \leq 0.01$ ). Por lo que se evidencia que el sexo, influye sobre esta característica de importancia económica (Flores, 2006).

El diámetro de fibra encontrado para la raza Huacaya, según el factor sexo, fue de 23.93 y 23.56  $\mu$  para machos y hembras respectivamente. Para el factor edad, la mayor finura tuvieron las alpacas de 1 año de edad (21.78  $\mu$ ) y el mayor grosor para alpacas de 3 a 5 años (26.70  $\mu$ ) a su vez indica que el diámetro de fibra aumenta en relación directa con la edad del animal. En lo que se refiere a colores, muestra que las fibras blancas (22.26  $\mu$ ), café rojizo (23.36  $\mu$ ) y LF (23.38  $\mu$ ) tienen mayor finura que los colores cafés (23.45  $\mu$ ), roano (23.46  $\mu$ ), café claro (23.77  $\mu$ ), gris (24.07  $\mu$ ), café oscuro (24.07  $\mu$ ) y el negro (24.59  $\mu$ ) (Montesinos, 2000).

(Ponzoni *et al.*, 1999) al analizar un programa de mejora genética para alpacas australianas refiere promedios de diámetro de fibra de 25.7  $\mu$  con un rango de 23.4 a 27.3  $\mu$ .

El diámetro medio de fibra no evidencian diferencias entre machos y hembras ( $20.90 \pm 0.39$  y  $21.62 \pm 0.37 \mu$ ). La variable de edad mostro diferencias significativas ( $p < 0.05$ ), correspondiendo la mayor finura a las alpacas tuis menores ( $19.48 \pm 0.25 \mu$ ) y el diámetro tiende a engrosar a partir de los 5 años de edad (Quispe *et al.*, 2020).



## 2.7. ESTRUCTURA GENÉTICA

El estudio de la estructura genética de una población permite conocer cómo se ha llevado a cabo el flujo de genes de la misma, proporcionando información sobre el número de genes que la ha originado y estimando en qué medida participan en la población actual. Este conocimiento proporciona información sobre su grado de variabilidad genética y permite tomar decisiones en relación a su gestión genética (Cervantes, 2009).

### 2.7.1. Grado de profundidad de pedigree

Tomando en cuenta que las pérdidas de variabilidad genética se acumulan a través de generaciones, tales que los parámetros genealógicos que se miden deben ser siempre referidos a la cantidad de información genealógica existente, por lo cual la medida del grado de profundidad de pedigree resulta imprescindible (Boichard, *et al.*, 1997; Gutiérrez *et al.*, 2003). La existencia de superposición generacional y el desigual conocimiento de la fuente paterna y materna, imposibilita generalmente la asignación de individuos a generaciones discretas; como generaciones completas, cuando un individuo pertenece a la generación, si se conocen sus 2 antepasados; o generaciones máximas, cuando un individuo pertenece a una generación  $g$ , cuando  $g$  es el número de generaciones que separan al individuo de su antecesor más lejano.

Una forma de afrontar esta dificultad es utilizar el número de generaciones completas equivalentes, que se obtiene como la suma para todos los antepasados conocidos  $(\frac{1}{2})^n$ , siendo  $n$  el número de generaciones que separan al individuo de cada antepasado (Maignel, *et al.*, 1996).



G. Mamani (2013), en el Anexo Quimsachata reporta que por la vía de las hembras se tuvo mayor información, conociéndose las madres en el 76.23% de los casos y los padres en el 48.92%. R. Mamani, *et al.* (2016), también reporta que por la vía de las hembras se tuvo mayor información, conociéndose las madres en el 83.95% de los casos y los padres en el 65.88%; en las siguientes generaciones se mantuvo esta diferencia en favor de la información por el lado materno, pero disminuyen tanto para madres y padres con el paso de las generaciones, la mayor información materna puede deberse a que en Quimsachata los datos de las madres son registrados junto con los de las crías al nacimiento, en cambio la información paterna tiene que ser verificada de los registros de empadre y esta tarea se aplaza o no se realiza con la misma facilidad.

### **2.7.2. Intervalo generacional**

El intervalo generacional puede ser definido como la media de la edad de los padres al procrear hijos que luego serán padres de al menos un descendiente (Falconer y Mackay, 1996). Este parámetro determina el tiempo medio en que son transmitidos los genes de padres a hijos; Es uno de los factores principales en el cálculo del progreso genético y de la estructura genética de la población.

El estudio del intervalo de generación en el análisis de la estructura genética de poblaciones es, en sí mismo, importante ya que las pérdidas de variabilidad genética se producen a través de generaciones. Así, si los intervalos generacionales son cortos las pérdidas de variabilidad genética se producen a mayor velocidad por unidad de tiempo. Además permite traducir los incrementos de otros parámetros en el tiempo en función de generaciones (Cervantes, *et al.*, 2011).

Canaza-Cayo *et al.* (2014) Sostiene que las estimaciones de la medida de endogamia en los rebaños Girolando eran pequeños en magnitud que indica que las



prácticas de apareamiento para evitar la endogamia en la población Girolando fueron apropiados durante el periodo de estudio. Los valores de tamaño de la población eficaz y el número efectivo de fundadores y antepasados están por encima del valor crítico, indicando que no hay pérdida significativa de la diversidad genética de la población Girolando.

Mamani (2013), reporta un intervalo generacional en el INIA Quimsachata obteniendo una media de 5.20 años, siendo esta la vía padre – hijo como la mayor con 6.05 años. En cambio por la forma de edad del padre al nacimiento (EPN), el intervalo generacional tiene una media de 5.68 años, siendo la vía padre – hijo la mayor con 6.61 años.

Mamani *et al.* (2016). Reporta estimaciones de los intervalos generacionales para las cuatro vías gaméticas, encontrando el intervalo generacional medio que fue de 5.65 años y es considerado largo, siendo ligeramente mayor en las vías gaméticas padre-hijo y padre-hija, esto se explica debido a que la edad reproductiva de los machos inicia a los 3.91 años y en las hembras a los 2.20 años.

## **2.8. TENDENCIAS GENÉTICAS Y FENOTÍPICAS**

### **2.8.1. Tendencias genéticas.**

Para Vargas y Solano (1995) señala que el análisis de las tendencias genéticas y ambientales de la producción de leche es vital para la definición de estrategias de mejoramiento a nivel poblacional, asimismo, Canaza-Cayo *et al.* (2016) menciona que, en cualquier programa de mejoramiento genético, existe la necesidad de realizar un seguimiento de los resultados para evaluar su progreso, realizar ajuste con el fin de optimizar la ganancia genética y aumentar la rentabilidad de la granja en el futuro, por lo tanto, Katok y Yanar (2012) indican que las estrategias de mejoramiento animal



utilizados en los diferentes países tienen que ser evaluados con los animales de las tendencias genéticas.

La tendencia genética es el cambio en el valor medio de mejoramiento y se obtiene mediante la comparación de los niveles promedio en las poblaciones de vacas para cada año, la mayoría de los investigadores han estimado las tendencias genéticas en ganado lechero durante periodos de menos de 20 años. Sin embargo, la precisión de las estimaciones de tendencias genéticas es mucho mayor que el número de años estudiados (Abdallah *et al.*, 2000).

En la literatura, muchas de las investigaciones muestran una tendencia genética positiva para animales vacunos. Freeman *et al.* (1993), la tendencia genética de los cuatro caracteres de fibra de alpaca Huacaya, observando que existe una tendencia favorable para el diámetro de la fibra y el factor de confort, ya que las correlaciones encontradas entre ambos caracteres son muy altas .

### **2.8.2. Tendencia fenotípica**

Las tendencias fenotípicas se estimaron a partir de los coeficientes de regresión lineal de los registros de producción de cada característica en el año de nacimiento.

La tendencia fenotípica es el cambio en el rendimiento por unidad de tiempo, en este caso el cambio en el promedio de la producción de leche (kg) por año. Entender estas tendencias permitirá conocer como alcanzar metas futuras examinando la información del pasado (Missanjo *et al.*, 2012)

La producción leche para las vacas Holstein en los estados unidos aumento entre 1957 y 1997, el aumento de la productividad de las vacas lecheras en los estados unidos mostro una tendencia fenotípica positiva con una producción total anual en 1970 de 117.9 mil millones de libras de leche y 4421 kg por vaca al año (Cassell, 2001)



## CAPÍTULO III

### MATERIALES Y MÉTODOS

#### 3.1. LUGAR DE ESTUDIO.

Los datos se recolectaron del centro de cría y producción de camélidos sudamericanos domésticos (CSD), primordial para la investigación científica, experimentación y transferencia de tecnología del Centro Desarrollo Alpaquero Tocra (CEDAT), ubicada a dos horas de la ciudad de Arequipa a una altitud de 4,400 msnm en el Anexo Tocra, distrito de Yanque, provincia de Caylloma, departamento de Arequipa - Perú. Sus características climáticas corresponden a un hábitat de puna seca, con una precipitación pluvial anual inferior a 350 mm, con temperaturas que oscilan entre  $-20^{\circ}\text{C}$  a  $15^{\circ}\text{C}$ , ubicándose entre las coordenadas de longitud oeste;  $15^{\circ}10'02''$  y  $15^{\circ}11'36''$  latitud sur (CEDAT, 2018).

##### 3.1.1. Registro de genealogía.

El CEDAT Anexo Tocra dispone un conjunto de libros y documentos donde se escriben y registran a los mejores ejemplares de alpacas, aplicando un manejo técnico de usar registros de campaña de parición y empadre controlado, dando así una lista de genealogía durante 15 años consecutivos, donde se analiza estos datos para estimar el coeficiente de endogamia, estructura genética, tendencias genéticas y fenotípicas de la población de alpacas.

##### 3.1.2. Registros productivos

El CEDAT Anexo Tocra, reúne registros productivos de características textiles de la fibra como también de características productivas, para dicha investigación se utilizó los registros productivos como:



- Promedio del diámetro de fibra ( $\mu\text{m}$ )
- Coeficiente de variación del promedio del diámetro de fibra (%)

### 3.1.3. Materiales y equipos

Para el trabajo de investigación se utilizaron los siguientes materiales y equipos:

#### **Materiales:**

- Registros productivos
- Registros genealógicos
- Registros reproductivos

#### **Equipos:**

- Computador Laptop
- Software ENDOG

## 3.2. METODOLOGÍA DE INVESTIGACIÓN

### 3.2.1. Software para calcular el Coeficiente de endogamia (F)

El coeficiente de endogamia se calculó usando el algoritmo establecido por Meuwissen y Luo, basado en el principio de que los fundadores no están emparentados, además en que su F es igual a cero. Para el coeficiente de endogamia individual (F) se utilizó el mismo algoritmo de Meuwissen y Luo (1992), incluido en el programa ENDOG.



$$A_{ii} = \sum_{j=1}^i L_{ij}^2 D_{jj}$$

**Donde:**

$A_{ii}$  : Es el i-ésimo elemento diagonal de A, que es igual al coeficiente de consanguinidad del animal i más 1. Quaas (1976), Calcula los elementos de L rápidamente y una columna a la vez mediante el siguiente algoritmo recursivo:

Para  $i : 1$  en N (todas las columnas de L)

$$L_{ii} : 1$$

Para  $i : j+1$  en N (todos los elementos antes de la diagonal)

$L_{ij} : (L_{sij} + L_{dij})/2$  cuando ambos padres si y di de i son conocidos,

$: L_{kij}/2$  Cuando solo se conoce un padre ik de i

$: 0$  cuando ambos padres son desconocidos, para  $i < j$ .

**Cálculo de los elementos de  $D_{jj}$ :**

$D_{jj}$  = es la condicional que puede tomar los siguientes valores dependiendo del caso.

$D_{jj} : 1$  cuando ambos padres son desconocidos

$: 0.75 - F_{kj}/4$  Cuando solo uno de los padres k! de j es conocido

$: 0.5 - (F_{sj} - F_{dj})/4$  Cuando se conocen ambos padres S<sub>j</sub> y d<sub>j</sub> de j



### **Dónde:**

$F_i$ : Denota el coeficiente de consanguinidad del animal  $j$ . Después de calcular los elementos de la columna  $j$ -ésimo columna de  $L$ , se elevan al cuadrado y se multiplican por  $D_{ii}$ . El vector resultante se agrega a un vector de trabajo. Cuando se sigue este procedimiento para cada columna de  $L$ , el vector de trabajo contiene el  $A_{jj}$ - valor.

El algoritmo requerirá operaciones  $N(N + 1) / 2$ , lista de la descendencia de todos los animales  $i$ .

Como el elemento  $l_{ij}$  es distinto de cero solo si  $i$  es un descendiente de  $j$ , las operaciones dentro cada columna se realiza solo para los descendientes de  $j$ . Porque los elementos de las columnas de  $L$  no se almacenan, tienen que ser recalculadas cuando un nuevo lote de los animales está disponibles.

Los parámetros del análisis de la estructura genética de alpacas Huacaya del Centro Toccra – Arequipa, se estimó usando el software ENDOG.

### **3.3. ESTIMACIÓN DE PARÁMETROS GENÉTICOS Y VALORES**

#### **GENÉTICOS**

Para estimar los componentes de varianza y los parámetros genéticos se utilizó el modelo animal (Caballero, 2017; Falconer y Mackay, 1996; Gutiérrez, 2010; Quispe y Alfonso, 2018), utilizando la base de datos de cada animal de la población y el registro genealógico.

El aspecto de valorar los componentes de varianza se realizó categorizando los datos en análisis univariado, con la solución BLUP usando el software PEST.

### 3.3.1. Modelo animal

Se utilizó el modelo animal (modelo mixto), por el método de máxima verosimilitud restringida, como una metodología estadística aplicada para evaluar el avance genético de una misma raza, cuya función lineal está dada por:

$$y = Xb + Zu + e$$

**Donde:**

$y$  = vector de observaciones (características productivas);

$b$  = vector de efectos fijos: edad, edad al cuadrado;

$u$  = vector de efectos genéticos aditivos;

$e$  = vector de efectos residuales;

$X$  = matriz de incidencia de efectos fijos;

$Z$  = la matriz de diseño que relaciona el efecto aleatorio del animal;

La ecuación del modelo animal, donde el efecto genético aditivo del animal y el residual son efectos aleatorios y son independientes, o sea no están correlacionados de modo que la covarianza entre el animal y el residuo es cero (Mamani, 2012). En su forma matricial la varianza y covarianza de los componentes genéticos y ambientales, las ecuaciones de modelo animal mixto son las siguientes:

$$\begin{bmatrix} X'X & X'Z \\ Z'X & Z'Z + A^{-1}\alpha \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \beta \\ \mu \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'y \\ Z'y \end{bmatrix}$$

El valor de alfa ( $\alpha$ ) en el modelo animal toma en cuenta la relación de parentesco de todos los individuos de la población y se calculó a través de la expresión.

$$\alpha = \frac{1 - h^2}{h^2} = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_\mu^2}$$

Los primeros y segundos momentos del modelo son:

$$E \begin{bmatrix} \mathbf{y} \\ \mathbf{u} \\ \mathbf{e} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} \\ \mathbf{0} \\ \mathbf{0} \end{bmatrix}; V \begin{bmatrix} \mathbf{u} \\ \mathbf{e} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \mathbf{G} & \mathbf{0} \\ \mathbf{0} & \mathbf{R} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \mathbf{A} \otimes \mathbf{G}_0 & \mathbf{0} \\ \mathbf{0} & \mathbf{I} \otimes \mathbf{R}_0 \end{bmatrix},$$

Donde  $\mathbf{G}_0$  y  $\mathbf{R}_0$  denotan las matrices de orden  $2 \times 2$ , que contiene los componentes de variancia genético aditivo y residual, respectivamente.  $\mathbf{A}$  es la matriz de relaciones de parentesco entre individuos evaluados.  $\mathbf{I}$  denota la matriz de identidad y “ $\otimes$ ” denota el operador kronecker entre matrices. Las estimaciones de los componentes de covariancia fueron estimadas vía Máxima Verosimilitud Restringida (REML),

### 3.3.2. Heredabilidad

La heredabilidad en el sentido estricto, se calculó usando los componentes de variancia por las siguientes expresiones ( Falconer y Mackay, 1996)

$$h^2 = \frac{\sigma_u^2}{\sigma_p^2}$$

**Donde:**

$h^2$  = Heredabilidad en sentido estricto.

$\sigma_u^2$  = Varianza genética aditiva.

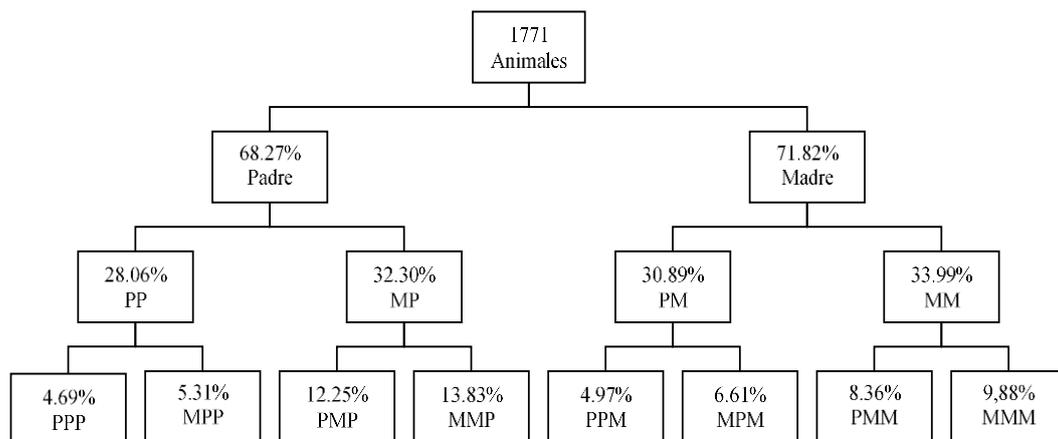
$\sigma_p^2$  = Varianza fenotípica.

## CAPÍTULO IV

### RESULTADOS Y DISCUSIÓN

#### 4.1. ANÁLISIS DE LA ESTRUCTURA GENÉTICA

En la Figura 1, se muestra la información genealógica de toda la población de alpacas Huacaya del CEDAT - Toccra, en donde la primera generación de ancestrales de esta población, aproximadamente el 30 % de los animales tuvieron padres desconocidos, es decir, que la estructura genética de pedigree fue de 70 % de la población total, se conoce tres generaciones completas, en donde son identificados 68.27 % de padres, y 71.82 % de madres, El porcentaje de abuelos y bisabuelos de origen paterno fue similar a los de origen materno.



**Figura 1.** Profundidad del pedigree del Centro CEDAT - Arequipa.

Descripción del nivel de contenido de información del pedigree en la población de alpacas del CEDAT.

PP es el padre del padre, (abuelo paterno), MP es la madre del padre (abuela paterna); PM es el padre de la madre (abuelo materno); MM es la madre de la madre (abuela materna); PPP es el padre del PP (bisabuelo paterno); MPP es la madre del PP (bisabuela paterna); PMP es el padre de la MP (bisabuelo paterno); MMP es la madre de



la MP (bisabuela paterna); PPM es el padre del PM (bisabuelo materno); MPM es la madre del PM (bisabuela materna); PMM es el padre de la MM (bisabuelo materno); MMM es la madre de la MM (bisabuela materna).

Los valores son similares a lo reportado por Mamani (2013) en alpacas del Anexo Quimsachata INIA - Illpa, además Mamani (2014), describe cuanto mayor es la profundidad del pedigree, los valores calculados son más confiables para la determinación de la estructura genética de la población.

Los valores de integridad de pedigree son inferiores a los reportados por Vilela y Asparrin (2012), quienes estudiando la genealogía de 12493 alpacas del fundo Mallkini de Puno, encontraron valores de 69% para los padres y 80.32% para las madres. Valores del presente estudio podrían asociarse al tamaño de muestra utilizada de 12493 animales, mientras nuestra investigación de 13.60% al respecto de Vilela y Asparrin.

#### **4.1.1. Coeficiente de endogamia (F)**

El archivo de pedigree incluyó registros de 1771 animales, que tuvieron un coeficiente de endogamia medio de población igual a 0,27 % (tabla 3). Del total de animales estudiados, 41 resulto endogámicos representando el 2,32 %, con un valor medio de F de 11,7 %.

Dentro de los animales endogámicos, el coeficiente endogamia (F) medio de los padres fue superior al de los hijos, madres e hijas. El F medio de los hijos fue superior al de las hijas. El número de animales endogámicos fue mayor en la categoría de los hijos pero menor en los padres.

El coeficiente de relación medio (AR) en la población completa fue 0,59 %, ligeramente mayor en hijos, hijas y padres, y menor en madres (Tabla 3). El valor medio del AR es un parámetro que aún no ha sido reportado en alpacas. El menor valor



de AR observado en la población de alpacas Huacaya podría ser atribuido al hecho de que los criadores han evitado el apareamiento de animales emparentados durante el periodo analizado.

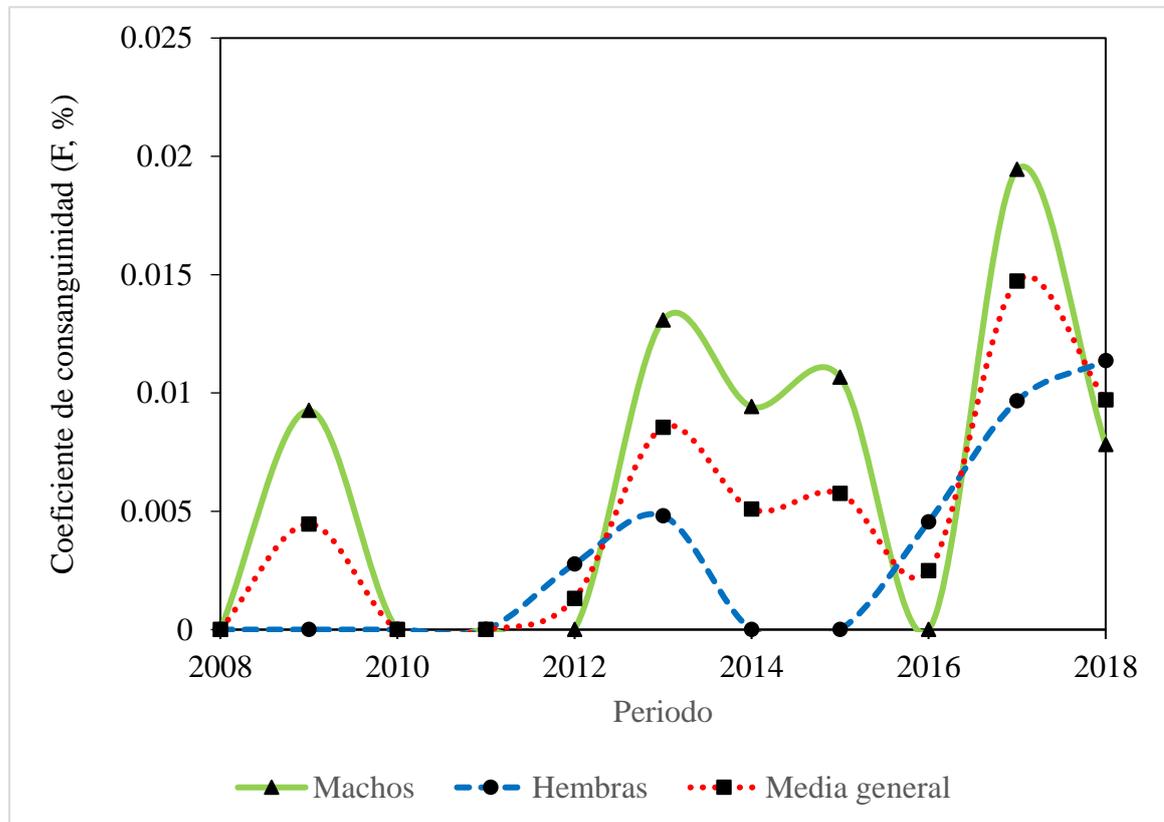
**Tabla 3.** Niveles de endogamia en la población de alpacas del CEDAT

Variables	Población				Total
	Madres	Hijas	Padres	Hijos	
Número total de animales	556	449	135	621	1771
Número de animales endogámicos	1	16	2	22	41
% de animales endogámicos <sup>1</sup>	0,18	3,56	1,48	3,54	2,32
F medio de población (%)	0,04	0,31	0,46	0,41	0,27
F medio de los animales endogámicos (%)	25,0	8,59	31,25	11,65	11,7
Coefficiente de relación medio (AR%)	0,31	0,72	0,68	0,70	0,59

Fuente: Elaboración propia.

Los valores encontrados de F en alpacas del INIA Quimsachata fue muy bajísimo respecto al valor de nuestro resultado con 0.04% (Mamani, 2013), esto fue porque no se encontró registros reproductivos en este centro de investigación por ende se desarrolla empadres no controlados, también menciona que estos resultados son aceptables y adecuados para el centro de conservación genética. Sin embargo Mamani (2016) en una población de llamas del INIA Quimsachata reporta un coeficiente de endogamia igual a cero desde el año 1993 al 2002, este valor encontrado se debe a que cada año se compraba reproductores machos y hembras, pero a su vez indica que a partir del 2003 se observa un rápido incremento de endogamia. No obstante Mamani (2019), menciona que el F estimado para la población de ovinos Corriedale del Centro Experimental Chuquibambilla fue de 1.14 %, como promedio general de la población. Mientras Vilela reporta una consanguinidad promedio en toda la población de alpacas del fundo Mallkini de 0.17 %, este resultado es ligeramente inferior al de nuestra investigación, se debe a que se aplica un empadre controlado y una alta población al respecto nuestro. Finalmente Canaza-Cayo *et al.* (2014), reporta un F de 0.11 % en una población de vacas de raza Girolando.

La tendencia de los valores medios de F en animales endogámicos fue similar a lo largo de los años evaluados, pero con magnitudes distintas (Figura 2). Se puede apreciar que mayores niveles de endogamia fueron alcanzados durante el año 2017.



**Figura 2.** Tendencia de la endogamia de alpacas según el sexo y tendencia general durante el periodo 2008 a 2018 en alpacas de la raza Huacaya.

#### 4.1.2. Intervalo generacional

El intervalo generacional es representado de dos formas: como la edad de los padres cuando nacen sus hijos que posteriormente serán reproductores EPR (Edad del Padre Reprodutor), y como la edad promedio de los padres cuando nacen sus hijos EPN (Edad del Padre al Nacimiento).

En la Tabla 4 se observa los intervalos generacionales de la población de alpacas; para la forma EPR, el intervalo generacional tiene una media de 5.05 años, siendo la vía Madre – Hija como la mayor con  $5.24 \pm 0.36$  años. En cambio por la

forma EPN, el intervalo generacional tiene una media de 5.08 años, siendo la vía Madre – Hija la mayor con  $5.27 \pm 0.11$  años, por tanto la transmisión de genes de una generación a otra, se da en esos lapsos de tiempo. Esto se debe a que los apareamientos de hembras se están realizando a una edad de 3 años con fines de mejorar la calidad de fibra y por el factor alimenticio.

**Tabla 4.** Intervalo de generación (años) y media de edades de los padres al nacimiento de sus progenies de la población de Alpacas de Tocra - Arequipa.

<b>Tipo</b>	<b>Número</b>	<b>Media</b>	<b>Desviación standard</b>	<b>Error standard de la Media</b>
<b>Intervalo de generación (años)</b>				
Padre – Hijo	42	4.707	1.741	0.269
Padre – Hija	178	4.882	1.656	0.256
Madre - Hijo	49	5.230	2.148	0.331
Madre - Hija	195	5.236	2.301	0.355
Total	464	5.052	2.013	0.094
<b>Edad de los padres al nacimiento de su descendencia (años)</b>				
Padre - Hijo	609	4.97	1.591	0.065
Padre - Hija	585	4.983	1.664	0.067
Madre - Hijo	646	5.039	2.459	0.997
Madre - Hija	627	5.270	2.609	0.106
Total	2467	5.067	2.146	0.0432

FUENTE: Elaboración propia.

Los intervalos generacionales del Centro Tocra son inferiores a los reportados por Mamani (2014) en la población de alpacas en el Anexo Quimsachata en donde el autor reporta un intervalo generacional medio que fue de 5.65 años y es considerado largo, siendo ligeramente mayor en las vías gaméticas Padre - Hijo y Padre Hija, esto se explica debido a que la edad reproductiva de los machos inicia a los 3.91 años y en las hembras a los 2.20 años. Esta diferencia se asocia a las diferentes intensidades de selección utilizadas en ambos rebaños.



Sin embargo Gallegos *et al.* (2012) También reporta intervalos mayores al de nuestro trabajo, en la población de alpacas Huacaya de Quinmsachata, para el periodo 1998 al 2011 que determinaron un lapso de tiempo generacional media de progenitores de 5.20 años, siendo mayor por la vía Padre comparado con la vía Madre; asimismo, el intervalo generacional más prolongada fue a la vía Padre – Hijo con 5.40 años, valor que se asemejan a lo encontrado. En cambio ambos son inferiores a los reportados por Ruiz de Castilla (2004) de 3.50 a 5.00 años, respectivamente.

En cambio los resultados son similares comparado a su pariente de la alpaca, la llama reportado por Mamani *et al.* (2016) en donde menciona un intervalo generacional de Padre – Hijo es de  $6.17 \pm 0.20$  años, Padre – Hija de  $6.19 \pm 0.19$  años, Madre Hijo –  $5.30 \pm 0.20$  y Madre Hija de  $5.23 \pm 0.19$  años respectivamente el reporte perteneciente al Anexo Quimsachata del INIA – Illpa Puno.

Por otra parte la edad de los padres al momento en la cual nace su descendencia en alpacas en el Centro Tocra es menor a lo reportado por Mamani (2014) quien reporta edades en Padre – Hijo de  $6.61 \pm 0.06$  años, edad de Madre – Hija de  $5.07 \pm 0.06$  años, también son inferiores al reporte de Gallegos *et al.* (2012). Donde reportan un intervalo Padre – Hijo de 5.4 años.

Finalmente, Vilela y Asparrin (2013), refieren intervalos generacionales de 5.50 y 5.90 años, bajo las dos modalidades – EPR y EPN – respectivamente; valores ligeramente superiores a los encontrados en el presente estudio, considerándose que se trata de un centro donde se realiza la selección para mejorar la fibra.

## 4.2. TENDENCIA GENÉTICA Y FENOTÍPICA PARA LAS CARACTERÍSTICAS DE FIBRA DE ALPACAS DEL CENTRO CEDAT

La tendencia genética y fenotípica para los caracteres de la fibra de la población de alpacas fue necesario un análisis de la estructura genética de la población.

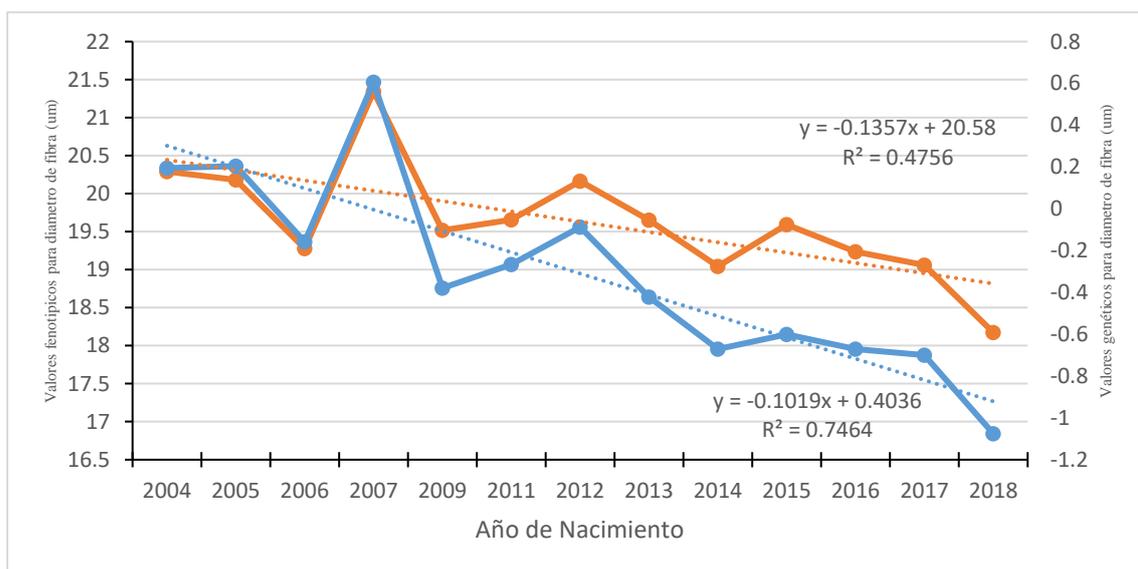
### 4.2.1. Tendencia genética para el promedio del diámetro de fibra

En la tabla 5 se muestra valores genéticos y fenotípicos con valores promedio, mínimo y máximo del diámetro de fibra encontrados en 13 años.

**Tabla 5.** Valores genéticos y fenotípicos promedios, mínimos y máximos para el diámetro de fibra de alpacas del CEDAT

Año de Nacimiento	N	Valores genéticos			Valores fenotípicos		
		promedio	mínimo	máximo	promedio	mínimo	máximo
2004	18	0.19	-1.18	2.27	20.29	17.12	23.93
2005	117	0.2	-1.94	2.87	20.18	15.81	26.95
2006	165	-0.16	-2.29	3.24	19.28	15.56	25.02
2007	153	0.61	-1.41	4.14	21.34	17.21	29.58
2009	31	-0.38	-1.9	2.15	19.52	16.99	23.05
2011	43	-0.27	-1.68	1.63	19.66	16.9	23.7
2012	80	-0.09	-2.3	1.74	20.16	16.21	26.69
2013	74	-0.42	-2.16	1.32	19.65	16.68	23.26
2014	114	-0.67	-2.76	2.72	19.04	15.02	26.9
2015	70	-0.6	-2.23	1	19.59	16.24	22.69
2016	83	-0.67	-2.43	1.65	19.24	15.6	24.4
2017	78	-0.7	-3.16	1.52	19.06	14.8	24.1
2018	86	-1.07	-2.57	1.05	18.17	14.7	21.7
PROMEDIO TOTAL		-0.31	-2.15	2.1	19.63	16.06	24.77

En la figura 3 se muestra la tendencia genética para el carácter del promedio del diámetro de fibra para cada año en donde se observa en el año 2018 que se obtuvo una media de valor genético mayor que es de  $-1.07 \mu\text{m}$ , como se observa la línea de tendencia obtiene una pendiente negativa en lo cual se puede asumir que la tendencia genética va mejorando considerablemente para este carácter, esto debido a que en el CEDAT se va realizando un trabajo de selección muy minuciosa en la mejora de la fibra.



**Figura 3.** Tendencia genética y fenotípica para el promedio del diámetro de fibra.

Los valores encontrados para el carácter del PDF son similares a la tendencias genética reportado por Cervantes *et al.* (2009) en alpacas de la ganadería PACOMARCA, también Cruz (2015) reporta tendencias muy dispersos en alpacas en la ganadería durante 1992 al 2014 un total de 24 años.

Quina *et al.* (2016) También reporta una tendencia genética similar de la misma población hasta el 2014, se puede suponer la variación de los valores genéticos a la cantidad de datos disponibles por el autor y en nuestra investigación.

#### 4.2.2. Tendencia fenotípica para el promedio del diámetro de fibra

En la figura 5 se observa la tendencia fenotípica para el carácter promedio del diámetro de fibra donde se observa que la tendencia es negativa, esto observándose que en el CEDAT los trabajos realizados de empadre dirigido son totalmente registrados en cada campaña, buscando en ella que cada generación tenga la media del promedio de diámetro menor. En que se contempla en los años de 2012 a 2018 una pendiente uniforme nocivo con 19.65 a 18.17  $\mu\text{m}$ . en la cual se nota significativamente la mejora de la finura de la fibra. Como también encontramos valores mínimos y máximos en la población de alpacas, que resultaron una mínima de 14.70  $\mu\text{m}$ . en el año 2018 y una máxima de 29.58  $\mu\text{m}$  en el año 2007.

**Tabla 6.** Numero de observaciones (N), media de mínimos cuadrados  $\pm$  error estándar del diámetro promedio de fibra según los efectos fijos ambientales de año de nacimiento, color de fibra y sexo en alpacas del CEDAT.

Efectos Fijos	N	Diámetro de fibra
<b>Sexo</b>		
Macho	580	19.62 $\pm$ 0.15 <sup>a</sup>
Hembra	532	19.71 $\pm$ 0.16 <sup>a</sup>
<b>Color de fibra</b>		
Negro	18	20.41 $\pm$ 0.43 <sup>a</sup>
Blanco	877	19.64 $\pm$ 0.07 <sup>ab</sup>
Cafe	188	19.63 $\pm$ 0.13 <sup>ab</sup>
LF	29	18.98 $\pm$ 0.34 <sup>b</sup>
<b>Año de nacimiento</b>		
2004	18	20.35 $\pm$ 0.44 <sup>bc</sup>
2005	117	20.2 $\pm$ 0.21 <sup>c</sup>
2006	165	19.25 $\pm$ 0.18 <sup>df</sup>
2007	153	21.41 $\pm$ 0.19 <sup>a</sup>
2009	31	19.53 $\pm$ 0.35 <sup>cdf</sup>



2011	43	19.68±0.31 <sup>cdf</sup>
2012	80	20.21±0.24 <sup>c</sup>
2013	74	19.71±0.24 <sup>cd</sup>
2014	114	19.08±0.22 <sup>f</sup>
2015	70	19.62±0.25 <sup>bde</sup>
2016	83	19.27±0.24 <sup>df</sup>
2017	78	19.1±0.24 <sup>ef</sup>
2018	86	18.22±0.23 <sup>g</sup>

Letras en superíndice diferentes indican diferencias significativas ( $p < 0.05$ ).

Se observa que para el efecto sexo no se encuentran diferencias significativas ( $p > 0.05$ ), para el efecto del color del vellón se observan que los colores blanco, LF y cafés son los más finos a diferencia de los vellones negros ( $p < 0.05$ ).

#### **4.3. ESTIMACIÓN PARÁMETROS GENÉTICOS, FENOTÍPICOS, AMBIENTAL Y HEREDABILIDAD PARA EL PROMEDIO DE DIÁMETRO DE FIBRA EN ALPACAS DEL CEDAT.**

El en presente trabajo analizado de la población de alpacas Huacaya de CEDAT Tocra, se encontró una varianza fenotípica de 3.904 y una varianza genética aditiva de 1.750, como también una varianza ambiental de 2.154 y con una Heredabilidad para el promedio de diámetro de fibra alta (0.45), lo cual indica que la selección que se realiza en este carácter es buena, como también se explica que el promedio del diámetro de fibras es de carácter genético.

**Tabla 7.** Estimaciones de parámetros fenotípicos, genéticos, ambiental y heredabilidad  $\pm$  error estándar para diámetro promedio de fibra en alpacas del CEDAT.

$\sigma_p^2$	$\sigma_a^2$	$\sigma_e^2$	$h^2$
3.904	1.750	2.154	0.45 $\pm$ 0.06

$\sigma_p^2$  = varianza fenotípica,  $\sigma_a^2$  = varianza genética aditiva,  $\sigma_e^2$  = varianza ambiental,  $h^2$  = heredabilidad,

En la tabla 7 se observa la heredabilidad para el diámetro de fibra de la población de Alpacas Huacaya en donde resulto ser moderada con 0.45, entonces la expresión del diámetro de fibra tiene un 45% por la parte genética de sus ancestros, también que existe una buena respuesta a la selección para este carácter.

Los valores de la heredabilidad del diámetro de la fibra de alpaca de vellón blanco varia de 0.25 a 0.27 en la raza suri, por lo cual deducen que existe causa mínimo genético aditivo y más ambiental (Quispe y Alfonso 2018), al respecto de nuestro trabajo la heredabilidad se muestra más la varianza genética aditiva y como también la varianza ambiental.



## V. CONCLUSIONES

Con la culminación del presente trabajo de investigación se concluye:

- El coeficiente de endogamia encontrado en la población de alpacas Huacaya de CEDAT – Arequipa es de 0.27 %, como endogamia media de la población total, esto indica un mínimo porcentaje de endogamia que a su vez estos resultados se encuentra en niveles adecuados, también indicamos que se encontró el 2.32% de animales endogámicos en toda la población. Dentro de esta el F medio de los Padres fue superior al de los Hijos, Madres e Hijas.
- Las tendencias genéticas para el diámetro de fibra en alpacas de la raza Huacaya de Tocra Arequipa son muy favorables en la cual se estaría obteniendo una respuesta a la selección para el valor genético del promedio de diámetro de fibra con  $-0.31 \mu\text{m}$ , con una mínima y máxima de  $-2.15$  y  $2.1 \mu\text{m}$ , demostrando también que para las tendencias fenotípicas para el promedio de diámetro de fibra resulto  $19.63 \mu\text{m}$ , con un mínima y máxima de  $16.06$  y  $24.77 \mu\text{m}$ , demostrándose una respuesta a la selección de animales, esto respectivamente entre los años de 2004 a 2018, de todas estas tendencias expresados en valores de cría.



## VI. RECOMENDACIONES

Se recomienda llevar bien los controles de registros reproductivos y productivos, además realizar los mismos métodos de empadre para poder corroborar en el avance genético y con una mínima endogamia en la población de Alpacas Huacaya, teniendo en cuenta siempre de animales endogámicos en el empadre, para evitar el nacimiento de animales consanguíneos a futuras generaciones..

Se recomienda continuar y realizar las evaluaciones genéticas para las características de diámetro de fibra para cada individuo perteneciente a la población evaluada, y se recomienda realizar un estudio sobre depresión endogámica de la misma población aunque la endogamia fue mínima.



## VII. REFERENCIAS

- Antonini, M., Gonzales, M., y Valbonesi, A. (2004). Relationship between age and postnatal skin follicular development in three types of South American domestic camelids. *Livestock Production Science*, 90(2-3), 241-246. doi: 10.1016/j.livprodsci.2004.06.001
- AVSF. (2012). Comportamiento del Mercado Mundial De La Fibra De Alpaca In P. B. Alpaca (Ed.), (Vol. 1, pp. 16). Bolivia: Proyecto Binacional Alpaca.
- Boichard, D., Maignel, L., & Verrier, É. (1997). The value of using probabilities of gene origin to measure genetic variability in a population. *Genet Sel Evol*, 29(5), 1-9. doi: <https://doi.org/10.1186/1297-9686-29-1-5>
- Boldman, K. G., Kriese, L. A., Van Vleck, L. D., Van-Tassell, C. P., & Kachman, S. D. (1993). A Manual for Use of MTDFREML: A Set of Programs to Obtain Estimates of Variances and Covariances. *United States Department of Agriculture*.
- Butler, K. L., & Dolling, M. (2008). Spinning Fineness for Wool. *The Journal of The Textile Institute*, 86(1), 164-166. doi: 10.1080/00405009508631319
- Buxadé C. 1995 genética, patología, Higiene y Residuos Animales. 1<sup>ra</sup> ed. Madrid: Ediciones Mundi-Prensa 181 p.
- Caballero, A. (2017). *Genética cuantitativa* (E. síntesis Ed. Editorial síntesis ed. Vol. Primera). Madrid España.
- CENAGRO. (2012). IV censo nacional agropecuario. from Intituto nacional de estadística e informática INEI <http://censos.inei.gob.pe/Cenagro/redatam/#>



- Cervantes, I. (2009). *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*. (Doctoral), Universidad Complutense de Madrid, Madrid España. Retrieved from <http://www.tesisde.org/t/estructura-genetica-del-caballo-de-pura-/6358/>
- Cervantes, I., Goyache, F. b., Pérez-Cabal, M. A., Nieto, B., Salgado, C., Burgos, A., & Gutiérrez, J. P. (2009). Parámetros Genéticos y Tendencias Genéticas Asociados a Caracteres Productivos y de Apariencia del Vellón en Alpacas. *Sitio Argentino de Producción Animal*, 3.
- Cervantes, I., Goyache, F., Molina, A., Valera, M., & Gutierrez, J. P. (2011). Estimation of effective population size from the rate of coancestry in pedigree populations. *J Anim Breed Genet*, 128(1), 56-63. doi: 10.1111/j.1439-0388.2010.00881.x
- Cruz, A. (2015). Resultados de la Selección, en Busca de la Alpaca Textil en Pacamarca. Foro internacional sobre avances en la producción, mejoramiento y transformación de fibras de Llamas, Alpacas y Vicuñas, 8.
- Elvira, M. Presentación del instrumento de medición de finura OFDA 2000, Uso y aplicaciones. *Sitio Argentino de Producción Animal*, 1-11.
- Falconer, D., & Mackay, T. (1996). *Introducción a la genética cuantitativa* (Acribia Ed.). Madrid España.
- Fish, V., Mahar, T., & Crook, B. (1999). Fibre Curvature Morphometry and Measurement. International Wool Textile Organisation, *ctf 01*, 15.
- Frank, E. N., Hick, M. V. H., Gauna, C. D., Lamas, H. E., Renieri, C., & Antonini, M. (2006). Phenotypic and genetic description of fibre traits in South American



- domestic camelids (llamas and alpacas). *Small Ruminant Research*, 61(2-3), 113-129. doi: 10.1016/j.smallrumres.2005.07.003
- Galeano, A. P. (2020). Notas de Campus Mejoramiento Genético animal. *Universidad Nacional Abierta y a Distancia*, 1, 139. doi: <https://doi.org/10.22490/notas.3472>
- Gallegos, R., Mamani, R. H., Huanca, T., & Gutiérrez, I. P. (2012). intervalo generacional en alpacas huacaya del altiplano peruano. *VI Congreso Mundial de Camelidos Sudamericanos*, 1.
- Gentry, A., Clutton-Brock, J., & Groves, C. (2004). The naming of wild animal species and their domestic derivatives. *Journal of Archaeological Science*, 31, 645–651. doi: 10.1016/j.jas.2003.10.006
- Guitou, H. 2010. Coeficiente de consanguinidad de un individuo. Sistemas de apareamiento. *Rev Angus* 248:31-37
- Gutiérrez, G. (2008). Revisión de la estimación de los parámetros genéticos en alpacas. In E. Quispe (Ed.), *Actualidades sobre adaptación, producción, reproducción y mejora genética en camélidos* (pp. 83-92). Huancayo - Peru.
- Gutiérrez, J. (2010). *Iniciación a la valoración genética animal. metodología adaptada al EEES* (S. A. Editorial Complutense Ed. primera ed.). Madrid, España: Universida Complutense de Madrid.
- Gutiérrez, J. P., Altarriba, J., Díaz, C., Quintanilla, R., Cañón, J., & Piedrafita, J. (2003). Pedigree analysis of eight Spanish beef cattle breeds. *Genetics Selection Evolution*, 35(1), 43-63. doi: 10.1051/gse:2002035



- Kadwell, M., Fernandez, M., Stanley, H. F., Baldi, R., Wheeler, J. C., Rosadio, R., & Bruford, M. W. (2001). Genetic analysis reveals the wild ancestors of the llama and the alpaca. *Proc Biol Sci*, 268(1485), 2575-2584. doi: 10.1098/rspb.2001.1774
- Koots, K. R., Gibson, J. P., & Smith, C. (1995). Analyses of published genetic parameter estimates for beef production traits. 2. Phenotypic and genetic correlations. *Agris*, 60(11), 825 - 853.
- Lupton, C. J., McColl, A., & Stobart, R. H. (2006). Fiber characteristics of the Huacaya Alpaca. *Small Ruminant Research*, 64(3), 211-224. doi: 10.1016/j.smallrumres.2005.04.023
- Maignel, L., Boichard, D., & Verrier, É. (1996). Genetic variability of French dairy breeds estimated from pedigree information. *nterbull annual meeting*, 14, 49-56.
- Mamani, G. C. (2013). Estructura Genética Poblacional y Tendencia Genética de Peso Vivo al Nacimiento en Alpacas del Banco de Germoplasma de Quimsachata del Inia en Puno. (Maestria), Univedad Nacinal Agraria la Molina, Lima - Peru. Retrieved from <http://repositorio.lamolina.edu.pe/bitstream/handle/UNALM/2237/L10-M3-T.pdf?sequence=1&isAllowed=y>
- Mamani, J. (2012). *Producción de Camélidos Sudamericanos* (O. U. D. INVESTIGACIÓN Ed.). Puno - Peru: universidad nacional del altiplano - vicerrectorado académico- , Facultad de Ciencias Agrarias, Escuela Profesional de Ingeniería Agronómica.



- Mamani, R., Gallegos, R., Huanca, T., & Gutierrez, J. (2016). Estructura Genética de la Población de Llamas (Lama glama del Banco de Germoplasma del Instituto Nacional de Innovación Agraria -Perú. *Revista de Investigaciones Altoandinas - Journal of High Andean Research*, 18(1), 55. doi: 10.18271/ria.2016.178
- Meuwissen, T., & Luo, Z. (1992). Computing inbreeding coefficients in large populations. *Genet Sel Evol*, 24, 305-313.
- Meyer, K. (2007). WOMBAT: a tool for mixed model analyses in quantitative genetics by restricted maximum likelihood (REML). *J Zhejiang Univ Sci B*, 8(11), 815-821. doi: 10.1631/jzus.2007.B0815
- Ossa, G. A., Pérez, J. E., & Suárez, M. A. (2008). Valores genéticos de caracteres productivos y reproductivos en bovinos Romosinuano. *Revista Corpoica – Ciencia y Tecnología Agropecuaria*, 9(1), 93-101. doi: [https://doi.org/10.21930/rcta.vol9\\_num1\\_art:109](https://doi.org/10.21930/rcta.vol9_num1_art:109)
- Presciuttini S., A. Valvonesi, N. Apaza, M. Antoni, T. Huanca and pacos: a two-locus model for the suri/huacaya phenotype
- Quaas, R. L. (1976). Computing the Diagonal Elements and Inverse of a Large Numerator Relationship Matrix. *Biometrics*, 32(4), 949-953. doi: <https://doi.org/10.2307/2529279>
- Quina, E., Renieri, C., Toro, O., Marquina, R., Peña, Y., & Pachacuta, A. (2016). LA aplicación de un modelo de mejoramiento genético en alpacas en la provincia de caylloma, arequipa. *desco*, 1-9.
- Quispe, E., & Alfonso, L. (2018). *Predicción de valores de cría de animales domésticos* (Vol. Segunda Edición). Perú: Bravo Impresores.



- 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). doi: 10.5209/rev\_RCCV.2013.v7.n1.41413
- Ralls, K.; Frankham, R.; Ballou, J. 2013. Inbreeding and Outbreeding. *Encyclopedia of Biodiversity 2* . Ed. Oxford, UK.
- Saldaña, L. (2017). Categorización, clasificación y procesamiento industrial de la fibra de alpaca. (Pregrado), Universidad Nacional Agraria la Molina, Lima - Peru. Retrieved from <http://repositorio.lamolina.edu.pe/bitstream/handle/UNALM/3428/salda%c3%b1a-perales-lorena-natali.pdf?sequence=1&isAllowed=y>
- Silva, P. (2009). Estrutura populacional e tendência genética de características de crescimento e adaptação de bovinos da raça Nelore, linhagem Lemgruber. (Maestria), Universidade de São Paulo, São Paulo. Retrieved from <https://teses.usp.br/teses/disponiveis/74/74131/tde-09022010-101339/pt-br.php>
- Wheeler, J. (2012). South American camelids - past, present and future. *Journal of Camelid Science*, 5, 1-24.
- 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. doi: 10.1016/S0921-4488(00)00127-9

## ANEXOS



**Foto1.** Empadre controlado CEDAT – Arequipa.



**Foto 2.** Ejemplares de alpacas CEDAT – Arequipa.



**Foto 3.** Población de alpacas Huacaya CEDAT – Arequipa.



**Foto 4.** CEDAT – DESCOSUR