



UNIVERSIDAD NACIONAL DEL ALTIPLANO
FACULTAD DE MEDICINA VETERINARIA Y ZOOTECNIA
ESCUELA PROFESIONAL DE MEDICINA VETERINARIA Y
ZOOTECNIA



EVALUACION DEL GRADO DE PARENTESCO MEDIANTE
ANALISIS MICROSATELITAL DEL ADN EN LLAMAS DEL
FENOTIPO Q'ARA (*Lama glama*), DEL CIP QUIMSACHATA INIA
DE PUNO

TESIS

PRESENTADA POR:

CHRISTIAN FLORES CHOQUEMAMANI

PARA OPTAR EL TÍTULO PROFESIONAL DE:

MÉDICO VETERINARIO Y ZOOTECNISTA

PUNO – PERÚ

2022



DEDICATORIA

A mis queridos padres Jacinto Flores C. y Josefina Guillermina Choquemamani C. con cariño, aprecio y mucho agradecimiento por darme la Vida, Amor, educación, comprensión, valores y ejemplos de superación que me motivaron ayudaron a lograr este anhelo

A mis queridos hijos Diego Flores, M. Camila Micaela Flores Ll. mi motivo de vida y lo más bonito que tengo en mi vida.

A mi compañera de vida Delia Llanqui A. con mucho cariño por su comprensión y apoyo en este proceso.

Christian Flores C.



AGRADECIMIENTOS

A Dios, que guía mi camino en esta vida por el bien.

A mi alma mater, la Universidad Nacional del Altiplano de Puno y a la gloriosa Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia por acogerme en sus aulas para mi formación profesional; técnica y ética.

Al Instituto Nacional de Innovación Agraria -INIA - PUNO, CIP Quimsachata, por haberme proporcionado el material para la ejecución de la investigación.

Al mi director de tesis Dr. Julio Málaga Apaza por haberme apoyado desinteresadamente en el presente trabajo.

A mi asesor de tesis Dr. Roberto Floro Gallegos y al MVZ. Rubén Herberht Mamani Cato, por haberme brindado sus conocimientos y asesoramiento constante en la elaboración de la presente tesis; agradecer su paciencia y esfuerzo para guiarme hasta este resultado.

Al proyecto 067_PI del Programa Nacional de Innovación Agraria (PNIA), del Instituto Nacional de Innovación Agraria por el apoyo financiero.

A los distinguidos miembros del jurado: M.Sc. Valeriano Zenon Maquera Maron, MVZ. Gerardo Godofredo Mamani Choque, y Mg. Francisco Halley Rodríguez Huanca por acceder a formar parte del mismo, por sus correcciones y recomendaciones.

A mis queridos padres, mis hijos y mi esposa por su paciencia y apoyo, para que logre concluir esta etapa de mi vida.

A mis amigos que apoyaron, en la ejecución de la tesis en CIP Quimsachata (INIA - Puno).

Christian Flores C.



ÍNDICE GENERAL

DEDICATORIA

AGRADECIMIENTOS

ÍNDICE GENERAL

ÍNDICE DE FIGURAS

ÍNDICE DE TABLAS

ÍNDICE DE ACRÓNIMOS

RESUMEN 10

ABSTRACT..... 11

CAPITULO I

INTRODUCCIÓN

1.1. OBJETIVO GENERAL 14

1.2. OBJETIVO ESPECÍFICOS 14

CAPITULO II

REVISIÓN DE LITERATURA

2.1. MARCO TEORICO 15

2.1.1. Antecedentes de la investigación 15

2.1.2. La Llama. 17

2.1.3. Biología Genética 19

2.1.4. Cromosoma 20

2.1.5. Genoma 20

2.1.6. ADN.y ARN 21

2.1.7. Gen..... 22

2.1.8. Marcadores de ADN, Microsatélites 22

2.1.9. Características de los microsatélites. 24



2.1.10. Parentesco e identidad	24
2.1.10.1. Probabilidad de exclusión	26
2.1.10.2. Valor LOD en paternidad.....	26
2.1.10.3. Valor Delta:.....	26
2.1.11. Error de asignación de paternidad	27
2.1.12. Genealogía	28

CAPITULO III

MATERIALES Y MÉTODOS

3.1. ÁMBITO DE ESTUDIO.....	29
3.2. ANIMALES	29
3.3. MATERIALES	30
3.3.1. Materiales de campo	30
3.3.2. Equipos	30
3.3.3. Criterio de selección de animales	31
3.4. METODOLOGÍA	31
3.4.1. Toma de muestras:	31
3.4.2. Obtención de la capa leucocitaria.	31
3.4.3. Muestras analizadas	32
3.4.4. Extracción y amplificación de ADN.....	32
3.2.5. Diseño de paneles de amplificación múltiple	33
3.2.6. Análisis de parentesco	34
3.2.7. Error de asignación:	34
3.2.8. Construcción genealógica:.....	34



CAPITULO IV

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

4.1. DETERMINAR LA PATERNIDAD Y MATERNIDAD MEDIANTE ANÁLISIS DE ADN (MICROSATÉLITES)	35
4.2. ERROR DE ASIGNACIÓN DE PADRES Y MADRES.....	42
4.3. CONSTRUCCIÓN GENEALÓGICA.	43
V. CONCLUSIONES.....	45
VI. RECOMENDACIONES	46
VII. REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	47
ANEXOS.....	53

ÁREA : Genética molecular

TEMA: Grado de parentesco mediante ADN microsatelital en llamas

FECHA DE SUSTENTACIÓN: 27 de octubre del 2022



ÍNDICE DE FIGURAS

Figura 1. (a) Representación esquemática de una secuencia microsatélite, (b) Esquemmatización de tres loci microsatélites (TA) _n , (TAA) _n y (GC) _n . Se aprecia que el locus 1 (TA) se encuentra en estado de homocigosis, mientras que los locus 2 (TAA) ₇ , (TAA) ₈ y el locus 3 (GC) ₇ , (GC) ₈ se encuentran en estado de heterocigosis. Modificado de Freeland (2005)	23
Figura 2. Presencia de polimorfismo en dos secuencias microsatélite.....	24
Figura 3. Representación esquemática de una prueba de parentesco y su fundamento. (a) Asignación de paternidad. (b) La determinación de parentesco se basa en una regla de herencia mendeliana: una cría tiene dos alelos para cada marcador autosomal, uno heredado del padre y otro de la madre. Modificado de Butler (2005).	25
Figura 4. Árbol genealógico reconstruido de llamas del CIP Quimsachata (INIA - Puno).....	44



ÍNDICE DE TABLAS

Tabla 1.	Loci microsatélites, secuencia de primer y tipo de fluorocromo incluidos en cada panel de PCR múltiple utilizados para la determinación de filiación de llamas del Anexo Quimsachata INIA Puno.	33
Tabla 2.	Numero de alelos por locus, Probabilidad de exclusión individual y acumulada de 239 genotipos de llama del CIP Quimsachata (INIA-Puno). 36	
Tabla 3.	Relación de parentesco cría-madre de 51 casos de asignación de maternidad determinado con el programa Cervus v3.0 donde se detalla valores de Loci no compatibles (LNC), valores de LOD, valores de Delta y nivel de confianza en llama q´ara CIP Quimsachata (INIA-Puno).	37
Tabla 4.	Relación de parentesco de cría y padre de 79 casos de asignación de paternidad determinados con el programa Cervus v3.0, donde se detalla valores de Loci no compatibles (LNC), valores de LOD, valores de Delta, y nivel de confianza en llamas q´ara CIP Quimsachata (INIA-Puno).	39
Tabla 5.	Parentesco familia nuclear padre, madre y cría en 41 familias registradas determinadas con el programa Cervus v3.0 en llamas del CIP Quimsachata (INIA-Puno).	41
Tabla 6.	Error de asignación de padres y madres de llamas del Anexo Quimsachata INIA Puno.	43
Tabla 7.	Estructura genética y poblacional de llamas con información de genealogía reconstruida.	44



ÍNDICE DE ACRÓNIMOS

A	: Adenina
ADN	: Ácido Desoxirribonucleico
ARN	: Ácido Ribonucleico
ARNm	: Ácido Ribonucleico mensajero
ARNt	: Ácido Ribonucleico de transferencia
ARNr	: Ácido Ribonucleico ribosómico
ARNsn	: Ácido Ribonucleico nuclear pequeño
ARNmi	: Micro Ácido Ribonucleico
C	: Citocina
EDTA	: ácido etilendiaminotetraacético
FAO	: Organización de las Naciones Unidas para la Alimentación
G	: Guanina
HWE	: Hardy-Weinberg
INEI	: Instituto Nacional de Estadística e Informática
INIA	: Instituto Nacional de Innovación Agraria.
LOD	: Logaritmo natural del índice de paternidad combinado
ml	: Mililitro
PCR	: Reacción en Cadena de la Polimerasa
PE	: Probabilidad de Exclusión.
PEA	: Probabilidad de exclusión acumulada o total
PI	: Índice de paternidad
PIC	: Contenido de Información Polimórfica.
PNIA	: Programa Nacional de Innovación Agraria.
SSRs	: secuencias simples repetidas
STRs	: Secuencias cortas repetidas en tándem
T	: Timina
U	: Uracilo
Δ	: Estadístico delta.



RESUMEN

Con el fin de contribuir al adecuado manejo de llamas del Banco de Germoplasma de Camélidos de Quimsachata (INIA - Puno), se realizó el estudio para determinar la relación de parentesco mediante el análisis de ADN, en llamas q'ara, y así establecer la relación genética entre progenitores y progenie, El estudio se realizó en el CIP Quimsachata (INIA – Puno), y en la Unidad de Biotecnología Molecular de la Universidad Peruana Cayetano Heredia, Lima. Los objetivos específicos del estudio fueron i) determinar la filiación, ii) Error de filiación y iii) construir la genealogía, en base a los resultados del análisis de ADN mediante marcadores microsatelite de 239 llamas q'ara con un panel de 12 marcadores microsatélite. El parentesco se determinó con el programa Cervus v 3.0 ® con el que se obtuvo una probabilidad de exclusión acumulada de 0.999984, con una asignación de maternidad, paternidad y trio familiar que fue de 51, 79 y 41 casos respectivamente; con valores LOD para la más probable madre de 2.18 a 16.83; para el más probable padre 1.01 a 13.45 y valores de Delta (Δ) de 0.20 a 16.83 y 1.01 a 13.45 respectivamente; los niveles de confiabilidad de la maternidad y paternidad fueron desde 95 a 99%; Con la comparación de los registros genealógicos y los resultados del análisis de ADN se determinó el error de asignación del padre y madre los que fueron de 10.13%, y 17.65% respectivamente; La construcción de la genealogía se realizó mediante el programa Endog.4.8®, en la que se determinó que el 42.93% tiene identificado al padre y el otro 42.93% tiene identificada a la madre, se concluye que la determinación de filiación, el error de asignación de filiación y construcción de genealogía mediante el uso de 12 marcadores microsatélite tienen una alta confiabilidad para, construir genealogía en poblaciones que no se realizan registros genealógicos (empadre y nacimientos) o para validar registros genealógicos.

Palabras clave: ADN, filiación, microsatélite, Llamas.



ABSTRACT

In order to contribute to the proper management of llamas in the Quimsachata Camelid Germplasm Bank (INIA - Puno), a study was carried out to determine the kinship relationship through DNA analysis, in q'ara llamas, and thus establish the genetic relationship between parents and offspring. The study was carried out at the CIP Quimsachata (INIA – Puno), and at the Molecular Biotechnology Unit of the Universidad Peruana Cayetano Heredia, Lima. The specific objectives of the study were i) to determine the affiliation, ii) affiliation error and iii) to construct the genealogy, based on the results of DNA analysis using microsatellite markers of 239 q'ara llamas with a panel of 12 microsatellite markers. Kinship was determined with the Cervus v 3.0[®] program, with which a cumulative exclusion probability of 0.999984 was obtained, with an assignment of maternity, paternity and family trio that was 51, 79 and 41 cases, respectively; with LOD values for the most probable mother from 2.18 to 16.83; for the most likely father, 1.01 to 13.45 and Delta (Δ) values from 0.20 to 16.83 and 1.01 to 13.45, respectively; the reliability levels of maternity and paternity were from 95 to 99%; With the comparison of the genealogical records and the results of the DNA analysis, the assignment error of the father and mother was determined, which were 10.13% and 17.65%, respectively; The construction of the genealogy was carried out using the Endog.4.8[®] program, in which it was determined that 42.93% have the father identified and the other 42.93% have the mother identified, it is concluded that the determination of filiation, the error of assignment of affiliation and construction of genealogy through the use of 12 microsatellite markers have a high reliability to build genealogy in populations that do not carry out genealogical records (breeding and births) or to validate genealogical records.

Keywords: ADN, microsatellite, filiation, Llamas



CAPITULO I

INTRODUCCIÓN

Actualmente los camélidos sudamericanos representan un recurso pecuario que cada vez se está explotando en mayor amplitud tanto para producción de fibra, de carne y también como mascotas. En el Perú existe una población de 746,269 llamas, (INEI - IV Censo Nacional Agropecuario 2012). La crianza de llamas, se realiza en un sistema de producción extensivo con praderas nativas de baja calidad; el objetivo principal de la crianza de esta especie es la producción de carne (Gutiérrez et al. 2012), la llama (*Lama glama*) es uno de los cuatro camélidos sudamericanos más importante desde el punto de vista económico y social, ya que sirven de sustento para las familias de las comunidades alto andinas (FAO, 2005). Las llamas muestran una mayor eficiencia ganadera en comparación a las alpacas en condiciones de puna seca (Mamani-Cato et al., 2021). Estudios recientes han demostrado la existencia de ciertos sistemas de marcadores genéticos que permiten identificar hibridismo en estas especies (Kadwell et al., 2001);

Las pruebas de paternidad genética pueden proporcionar datos de identidad del padre para la descendencia cuando las hembras han estado expuestas a múltiples machos. (Sherman et al. 2004), En las últimas décadas, el uso de metodologías objetivas de estimación de valores de cría basadas en las evaluaciones genéticas bajo el modelo animal se ha vuelto populares; sin embargo, su empleo requiere la organización de bases de datos con una estructura de información completa y confiable que incluya, tanto datos productivos como de pedigrí, asegurando el uso de valores genéticos precisos (Tosh et al. 1994).



La determinación precisa del parentesco establece la información fiable para la elaboración de la genealogía en animales domésticos, lo que permite disminuir el porcentaje de error en el momento de la asignación de paternidad y maternidad. Con el transcurrir del tiempo, las pruebas de asignación de paternidad se han convertido en un importante tema de estudio, tanto en animales domésticos y humanos (Marin et al., 2007; Di Rocco et al, 2011). Un gran número de técnicas para determinación de parentesco mediante análisis de microsatélites han venido desarrollándose para diferentes especies domésticas como caninos (Morera et al., 1999; Pádár et al., 2001), bovinos (Kankan y Fado, 1999; Mommens et al., 1998), caprinos (Ganai y Yadav, 2005), porcinos (Aguilera-Reyes et al., 2006), equinos (Binns et al., 2000) y camélidos (Rodríguez et al., 2004, Iannacone. 2006, Agapito et al., 2010, Yalta et al., 2014 y Morón et al., 2016) con elevado porcentaje de discriminación expresada como probabilidades de excepción, los microsatélites constituyen uno de los marcadores más útiles por presentar tasas de mutación mayores comparados con otras regiones del ADN, presentan herencia mendeliana y carácter codominante (Awise, 2004). Usualmente los microsatélites, son conocidos como repeticiones cortas en serie (STRs), son secuencias cortas (no mayores de 6 pares de bases de largo) repetidas en serie (Hancock, 1991), las que logran ser amplificadas por la técnica de PCR y los distintos alelos observados por medio de electroforesis en gel y posterior teñido con nitrato de plata o por marcado con sustancias fluorescentes.

En el CIP Quimsachata (INIA - Puno), posee el banco de germoplasma de llamas chaku y q'ara para la conservación e investigación; en el cual se identificó el problema: de pérdida de identificación de los animales (aretas), lo que genera un registro genealógico errado; por lo que durante el registro del empadre y parición incrementan el



error en la asignación de parentesco (padre y madre), por lo que se plantea la hipótesis que con el uso del análisis de ADN, con un panel de 12 marcadores microsatélite permitirá con una confiabilidad de 99% la asignación de parentesco (paternidad , maternidad) de crías nacidas el 2016 de llamas en comparación con registros de genealogía del CIP Quimsachata, (INIA-Puno), .siendo la identificación de los animales de gran importancia, por ello se planteó el presente estudio con los objetivos:

1.1. OBJETIVO GENERAL

Evaluar el parentesco mediante análisis microsatelital del ADN en llamas del fenotipo Q´ara (*Lama glama*), del CIP Quimsachata INIA DE Puno.

1.2. OBJETIVO ESPECÍFICOS

- Determinar la paternidad y maternidad mediante análisis de ADN microsatelital, en llamas del fenotipo Q'ara del CIP Quimsachata (INIA – Puno).
- Determinar el error de asignación de paternidad y maternidad, mediante análisis de ADN microsatelital, en llamas del fenotipo Q'ara del CIP Quimsachata (INIA – Puno).
- Determinar la frecuencia del número total de llamas con información genealógica mediante análisis de ADN (microsatélites), de llamas Q'ara crías nacidas en la campaña 2016, del CIP Quimsachata (INIA – Puno). con el programa ENDOG V4.8.



CAPITULO II

REVISIÓN DE LITERATURA

2.1. MARCO TEORICO

2.1.1. Antecedentes de la investigación

Estudio de filiación con 12 marcadores moleculares (LCA99, LCA71, LCA94, LCA66, YWLL36, LCA05, LCA77, LCA19, YWLL40, YWLL29, YWLL44 y LCA08) en 181 alpacas en el CIP Quimsachata, los resultados indican la probabilidad de exclusión acumulada de 0.9999845, la asignación de maternidad, paternidad y el trio familiar fue de 32, 24 y 15 casos, con valores LOD de 2.8 a 12.4; 4.29 a 13.9 y 8.75 a 17.3 y con valores de Delta (Δ) de 2.58 a 11.9; 2.99 a 13.9 y 8.75 a 17.3 respectivamente. Con 99% de nivel de confianza. En la reconstrucción genealógica se determinó el error de asignación de paternidad, maternidad de 37.5 %, 25 %, respectivamente (Yucra, 2016).

En la Región de Pasco se realizó la verificación de genealogía en alpacas Huacaya (n=247) en tres unidades de producción para validar panel de microsatelites para pruebas de paternidad; estimar nivel de endogamia y asignación de paternidad en ausencia y presencia de padres, utilizando un panel de 15 marcadores microsatélites de alpacas (LCA05, LCA08, LCA37, LCA66, YWLL44, YWLL08, YWLL36, LCA 90, LCA 94, VOLP92, VOLP32, VOLP55; VOLP72, VOLP04, VOLP77). Las muestras obtenidas fueron a partir de folículo piloso; el número total de alelos varió de 8 a 32 alelos por locus, el contenido de información polimórfica fue superior a 0.7 en todos los marcadores. Los valores estimados de la probabilidad de discriminación para los marcadores LCA37,



LCA66, LCA08, YWLL36, YWLL44, YWLL08, VOLP04 y VOLP32 fueron mayores a 0.84, y la probabilidad de exclusión conjunta fue superior al 99.9%; con un error de asignación de paternidad del 55% (Morón et al., 2016)

En la Región de Puno se desarrolló un estudio para la determinar parentesco en alpacas Huacaya (183 individuos) de dos unidades de producción, empleando 10 marcadores microsatélite (LCA37, LCA5, LCA66, LCA8, LCA90, LCA94, VOLP92, YWLL36, YWLL44 y YWLL08), el total de loci presentó una probabilidad de exclusión superior al 99.9% cuando se conoció el genotipo de ambos padres, alcanzando un poder de discriminación mayor al 0.90. La prueba de filiación permitió detectar mayores errores de asignación de maternidad (13.04%) y paternidad (30.4%) en el Fundo Itita; mientras que en Munay Paqocha, se hallaron menores errores de maternidad (7.69%) y de paternidad (17.95%), siendo un centro con mejor calidad de registros (Yalta et al., 2014).

En los departamentos de Puno, Huancavelica y Junín, se utilizó 10 marcadores microsatelite (LCA19, LCA37, YWLL40, YWLL29, YWLL36, LCA5, LCA66, YWLL08, LCA08 y YWLL44), y se obtuvo que todos los marcadores fueron altamente polimórficos, con un rango de 6 a 28 alelos (14.5 alelos por locus). El total de probabilidad de exclusión fue de 0.999456 cuando se conoció el genotipo de uno de los padres, y de 0.999991 cuando se conoció el genotipo de ambos padres. El panel de marcadores empleados asignó la paternidad en 38 de los 45 casos (Agapito et al., 2010).

Un estudio realizado en la sierra del departamento de Lima, en el que se realizó la determinación de parentesco en alpacas huacaya con 7 microsatélites (YWLL29, YWLL40, LCA37, VOLP04, LCA94, LCA86 y LCA22), en el que se obtuvo un



porcentaje de exclusión de 99.17%, permitiendo una buena discriminación de individuos en lugares que no se cuenta con registros genealógicos (Iannacone, 2006).

En la región de Cusco se realizó un estudio con 10 marcadores microsatélite polimórficos para alpacas y llamas fueron usados para evaluar el parentesco en 47 alpacas. El número de alelos varió entre 4 y 20. Las frecuencias alélicas y la probabilidad de exclusión (PE) fueron calculadas utilizando el software Cervus 2.0. La probabilidad de exclusión acumulada para los 10 loci fue 0.9999. La probabilidad de exclusión acumulada para cada reacción de PCR múltiple fue mayor a 0.99990. Ambas metodologías (secuenciador automático (ABI 377 DNA sequencers ®) y técnica de tinción con nitrato de plata), obtuvieron los mismos resultados. Los resultados confirmaron la paternidad en 18 casos; sin embargo, en el 22% de los casos (n=4) se identificaron padres alternativos que no correspondieron a los padres registrados (Rodríguez et al, 2004).

2.1.2. La Llama.

La llama (*Lama glama*) propuesta por (Kadwell et al., 2001) y aceptada por (Gentry et al. 2004), es la especie más grande de los camélidos domésticos y comparte muchas características morfológicas con el Huánuco más septentrionales (Wheeler et al., 2006). Evidencia directa del proceso de domesticación está disponible en los remanentes orgánicos de camélidos sudamericanos encontrados en excavaciones arqueológicas de los Andes peruanos. Material faunístico de tales sitios arqueológicos indican que, durante los inicios de la ocupación humana, tanto el guanaco, la vicuña, así como algunos cérvidos (*Hippocamelus antisensis*), eran cazados persistentemente en la región (Wheeler, 2000). Sin embargo, en períodos posteriores (9.000-7.000 años) se registró un progresivo



aumento de restos de camélidos relativo a cérvidos. Desde hace 6.000 a 5.500 años se detectan las primeras llamas y alpacas (Wheeler, 2000). A partir de esa fecha, restos orgánicos de camélidos neonatos comienzan a aumentar sostenidamente, hasta llegar a constituir el 70 % de todos los restos de camélidos depositados (Wheeler, 2000).

Frente al manejo con direccionamiento a la producción de animales de color blanco de los rebaños de camélidos domésticos en el Perú y por ende la disminución de la diversidad genética, en el año de 1987, con el apoyo técnico y financiero del proyecto Alpacas (PAL), y mediante el Convenio de Cooperación Técnica del Gobierno Suizo (COTESU INIA), se estableció en la Estación Experimental Illpa Puno, y en el Anexo Quimsachata, un banco de Germoplasma de Alpacas y Llamas orientado inicialmente a la recuperación y conservación de alpacas de color y variedad de llamas en sus dos ecotipos Ch'aku y Q'ara. (Huanca et al., 2007).

Existe un cierto acuerdo en considerar que la llama es la forma doméstica del guanaco (probablemente el ecotipo *Lama guanicoe cacsilensis*) y la alpaca la forma doméstica de la vicuña (*Vicugna vicugna mensalis*), pero tampoco se pueden excluir influencias cruzadas de las dos especies silvestres sobre las dos formas domésticas (Renieri, et al, 2009).

Las razas de llama son razas primitivas o primarias que derivan de la primera diferenciación intra específica post-domesticatoria (Renieri y et al. 2009), según el tipo de vellón se identificaron dos razas Q'ara y Chaku (Presciuttini, et al., 2010).

Se describe el sistema de crianza extensiva de la población de llamas de cooperativas comunales (CC) y criadores individuales (CI) de la región Pasco que se



refleja en el Perú. y presenta como objetivo principal de la crianza para la producción de carne, (Rodríguez A., et al., 2021).

La crianza de llamas constituye un recurso estratégico para la seguridad alimentaria de la población altoandina, debido a su adaptación a condiciones climáticas adversas, su capacidad para utilizar los recursos alimenticios de calidad limitada, así como a su tolerancia a una serie de enfermedades. En estas condiciones imperantes, la crianza, (Rodríguez A., et al., 2021), En general, la crianza de llamas en el Perú está inserta en un sistema extensivo que usa pocos insumos externos y no está sujeta a un calendario de manejo (Stemmer et al., 2005).

2.1.3. Biología Genética

La biología molecular es una de las herramientas más útiles de las que se vale hoy en día la ciencia y la medicina moderna. La obtención de ácido desoxirribonucleico (ADN), es el punto de partida para la mayoría de análisis genéticos; incluso contando con pequeñas cantidades de ADN, es posible amplificar genes específicos *in vitro* a través de la reacción en cadena de la polimerasa (PCR por sus siglas en inglés: Polymerase Chain Reaction), (Zhang, 2004; Hancock, 1991).

La célula presenta una composición química inorgánica (75 a 80% agua y 2 a 3% de minerales), y orgánica (el % restante, de proteínas, hidratos de carbono, ácidos nucleicos, lípidos, etc.), los ácidos nucleicos (polímeros), conformados por la repetición de cuatro unidades diferentes denominados nucleótidos; la secuencia lineal de los cuatro nucleótidos en la molécula de ADN es la fuente primaria de la información genética (De Robertis, y Ponzio, R 2001), en el núcleo se halla toda la historia biológica de cada célula



y del organismo al que pertenece, la información genética que guía el desarrollo embrionario y especialización celular, duración de la vida, y capacidad reproductiva de cada célula. Toda la información está codificada en el ADN, igual que en el alfabeto Morse, la sucesión de puntos y líneas transmiten un mensaje completo y organizado. (Gallori, 2016).

2.1.4. Cromosoma

El cromosoma (del griego *chroma*=color y *soma*=cuerpo, es decir cuerpo coloreado, por alusión con lo que estas estructuras adoptan las coloraciones histológicas), es un corpúsculo con forma de bastoncito con una longitud del orden del micrón. A medida que avanza la duplicación del filamento de ADN, el cromosoma adquiere la forma de “X”, en efecto sus dos pares de filamentos (cromátidas), permanecen unidas entre sí en una zona denominada centrómero que es la última en dividirse. (Gallori, 2016). La cromatina es el material del cual está compuesto los cromosomas y la cromatina está formado por el complejo: histonas, polipéptidos no histónicos y por ADN, (De Robertis, y Ponzio, R 2001), más una pequeña cantidad de ARN (Gallori, 2016).

2.1.5. Genoma

El genoma (de la raíz griega *gen*, origen), puede ser considerado como el “patrimonio genético” de un organismo, como el conjunto total hereditario presente en un celular, (Luque, 2002), o el conjunto de cromosomas que posee una determinada célula. (Gallori, 2016), como también la totalidad de la información genética depositada en las moléculas de ADN (De Robertis, y Ponzio, R 2001).



2.1.6. ADN,y ARN

El ADN es una molécula larga (polinucleótido), como en escalera que forma una doble hélice. Cada cadena de la hélice en una molécula lineal formada por sub unidades llamadas nucleótidos. En el ADN hay cuatro nucleótidos diferentes, cada nucleótido tiene una de las cuatro bases nitrogenadas adenina (A), guanina (G), citocina (C), y timina (T). Estas cuatro bases constituyen el alfabeto genético, que en distintas combinaciones específicas finalmente dan secuencia de aminoácidos de las proteínas, fue descubierto por James Watson y Francis Crick en 1953, existe también en las células eucariotas una pequeña fracción de ADN en las mitocondrias (siempre presentes), con limitado número de genes que cumplen funciones específicas del orgánulo, estas moléculas se transmiten a la dependencia únicamente por la línea materna. (Willian et al., 2006). como el ADN, el ARN es un polinucleótido que se distingue del primero porque contine un azúcar distinto (la Ribosa), y por la presencia en lugar de la timina (T), una base nitrogenada diferente, el uracilo (U), que igual que la timina (T), se acopla siempre con la adenina (A), los ARN en la mayor parte de los casos tienen una única cadena, además existen moléculas ARN mensajero (ARNm), ARN de transferencia (ARNt), y ARN mensajero (ARNm) así también pequeñas moléculas de ARN, small nuclear (ARNsn) y los microARN (ARNmi). (Gallori, 2016)

El 75% del ADN se halla representado por secuencias singulares (copias únicas), de nucleótidos y secuencias que se hallan una o pocas veces repetidas, en este sector del ADN se encuentran las secuencias de nucleótidos funcional mente activas, es decir los genes, estos representan una pequeña parte del ADN (alrededor del 13% de este 75%), lo que equivale al 100% de todo el genoma; El 25% restante de ADN está representado, por secuencias de nucleótidos altamente repetidas, sus funciones se desconocen y en ese



grupo están los llamados ADN satélites, minisatélites y microsátélites. El grupo de 3 nucleótidos (en distintas combinaciones), para codificar a cada tipo de aminoácido se denominan triplete o codon, y dada la existencia de 4 tipos de nucleótidos en los ácidos nucleicos lo que hacen un total de 64 codones, el conjunto de estos 64 codones lleva el nombre de Código Genético. (De Robertis, y Ponzio, R 2001), A partir de ADN se sintetiza ARN mediante la transcripción y de este se traduce en proteína, a lo que se conoce el “dogma central” de la biología molecular. (De Robertis, y Ponzio, R 2001).

2.1.7. Gen

El GEN es un fragmento del ADN que contiene la información necesaria para sintetizar una molécula de polipéptido, y es también la unidad elemental de la herencia que se transmite de una generación a otra (Luque, 2002), y según el sentido del estudio puede analizarse desde tres ángulos diferentes, el mendeliano, el molecular y el poblacional. La biología celular que lo estudia desde el punto de vista molecular, lo define como “la secuencia de ADN cromosómico que contiene la información requerida para fabricar un ARN y, a través de este (en la mayoría de casos), una proteína”. Esta unidad de información se halla en un sitio particular del cromosoma denominado “*locus*” (De Robertis, y Ponzio, R 2001).

2.1.8. Marcadores de ADN, Microsatélites

Los marcadores microsátélites también son llamados Secuencias Simples Repetidas (SSRs por sus siglas en inglés: *simple sequence repeats*), Repeticiones cortas en serie (STRs), son zonas del genoma en las que una secuencia corta, 2-6 pares de bases, se repite un cierto número de veces. Cada locus microsátélite tiene alelos con distinto

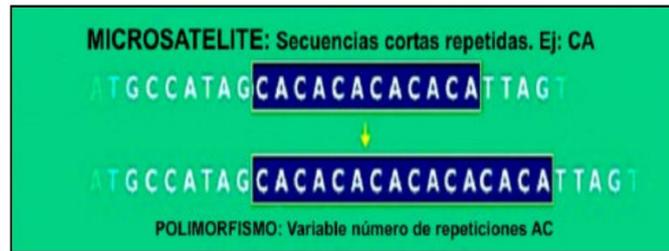


Figura 2. Presencia de polimorfismo en dos secuencias microsatélite

2.1.9. Características de los microsatélites.

Los marcadores microsatélites presentan un elevado polimorfismo genético (presencia de múltiples alelos), con distribución frecuente en el ADN (material genético), o genoma, que presentan herencia mendeliana simple y codominancia. Estas características han permitido ser considerados como los marcadores de elección para estudios de genética poblacional, identificación, parentesco y mapeo genético (Schlötterer y Harr, 2001; Freeland, 2005).

2.1.10. Parentesco e identidad

El parentesco (paternidad y maternidad) se basa en la búsqueda de incompatibilidades genéticas entre los alelos presentes en un hijo y un alegado pariente para un grupo de loci analizados (figura 2) asumiendo la ausencia de mutación y un modelo de herencia mendeliana simple (Butler, 2005).

Las técnicas para determinación de parentesco se basan en la exclusión genética, la cual utiliza incompatibilidades genéticas entre los supuestos padres y las crías, para rechazar una particular hipótesis de asignación de parentesco. El número mínimo de

inconsistencias genéticas entre un supuesto padre y una cría para determinar la exclusión genética es tres (Cifuentes et al., 2006).

La utilidad de los loci microsatélites en la determinación de parentesco se realizó mediante el cálculo del índice de paternidad (PI) expresado como valores de LOD y valor de Delta (Δ) utilizando el programa Cervus v3.0 (Kalinowski et al., 2007), Existen 5 indicadores para medir la robustez de una técnica de determinación de parentesco: la probabilidad de exclusión, el contenido de información polimórfica, el índice de paternidad, el valor de LOD y el estadístico Delta.

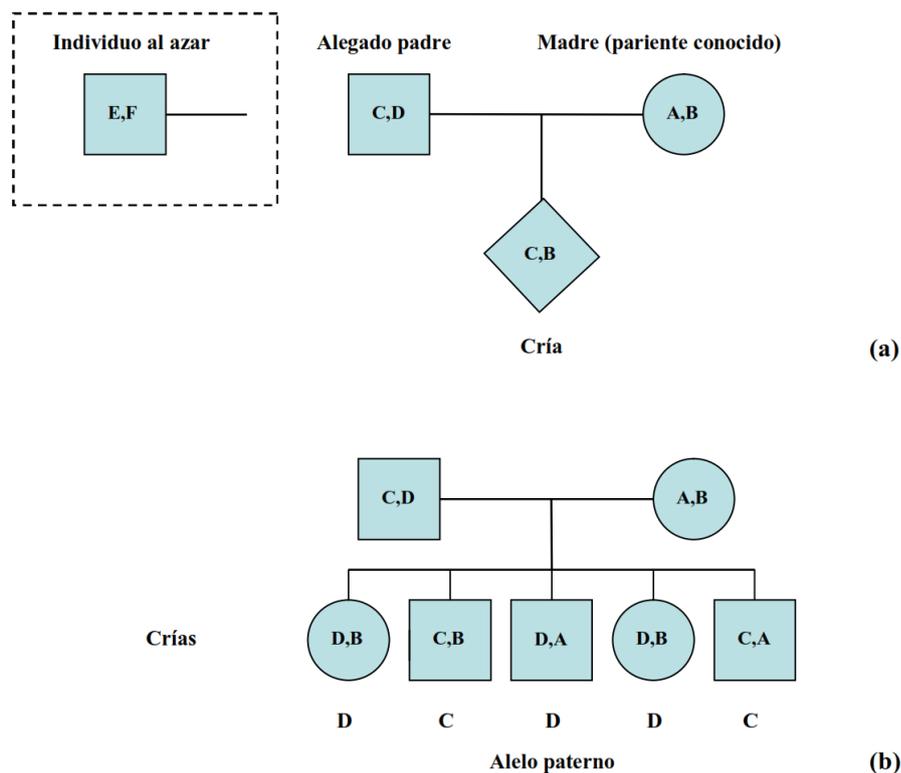


Figura 3. Representación esquemática de una prueba de parentesco y su fundamento. (a) Asignación de paternidad. (b) La determinación de parentesco se basa en una regla de herencia mendeliana: una cría tiene dos alelos para cada marcador autosomal, uno heredado del padre y otro de la madre. Modificado de Butler (2005).



2.1.10.1. Probabilidad de exclusión

La probabilidad de exclusión (PE) constituye la capacidad de un marcador genético para excluir a un falsamente asignado padre en términos de probabilidad (Weir, 1996). La probabilidad de exclusión depende del número de alelos y de las frecuencias alélicas del marcador y no de las frecuencias genotípicas observadas (Butler, 2005).

2.1.10.2. Valor LOD en paternidad

El valor de LOD (LOD score) se define en paternidad como el logaritmo natural del índice de paternidad combinado (CPI) para cada candidato a pariente (Kalinowski et al., 2007), este concepto difiere del utilizado en mapeo genético, donde el valor de LOD se define como el logaritmo común (\log_{10}) de la razón de probabilidad (Marshall et al., 1998), valores de LOD negativos significan que un candidato a pariente es menos probable ser el verdadero pariente que otro candidato elegido al azar, valores de LOD positivos significan que un candidato a pariente es más probable ser el verdadero pariente que otro candidato elegido al azar y un valor de LOD de 0 significa que tanto el candidato a pariente como cualquier otro candidato al azar son igual de probables de ser el verdadero pariente (Marshall et al., 1998). El candidato a pariente más probable posee el valor de LOD más alto.

2.1.10.3. Valor Delta:

Con el propósito de asegurar la confiabilidad de la asignación de parentesco del más probable candidato a pariente es usado el valor de Delta (Δ), se determina mediante la diferencia del valor de LOD del más probable candidato a pariente y el segundo más probable candidato a pariente. La significancia estadística de los valores de Delta (Δ) se



realiza mediante simulación de múltiples pruebas de parentesco, cálculo de valores y distribuciones de Delta (Δ). El análisis de simulación realizado por el programa Cervus v3.0 repite los pasos realizados en una inferencia de parentesco utilizando las frecuencias alélicas de los loci analizados de la población en estudio asumiendo equilibrio en el modelo de Hardy-Weinberg (HWE).

Genotipos paternos, maternos y genotipos al azar son generados a partir de las frecuencias alélicas observadas asumiendo HWE. Los genotipos de la progenie son derivados mediante muestreo mendeliano de los alelos parentales. Un número elevado de crías es utilizado en la simulación (mínimo de 10000) para generar distribuciones de valores de LOD o Delta (Δ), (Marshall et al., 1998).

2.1.11. Error de asignación de paternidad

El número de errores en la asignación de paternidades en un sistema de crianza, es alto, los planes de mejora genética se verán seriamente amenazados. Es habitual que la asignación de paternidades se realice controlando la fecha de servicio y la fecha de nacimiento, pero este método puede generar errores, por esta razón, es mejor el uso de técnicas moleculares para el correcto control de la filiación. (Lozano et al., 2002).

El parentesco de los animales se puede contrastar mediante el análisis de las diferencias en marcadores genéticos, y examinarse de forma cómoda y rápida a partir de cantidades mínimas de material biológico, por lo que cada marcador posee una probabilidad de exclusión de paternidad que se incrementa mediante el uso de un panel de varios marcadores. Esta técnica permite estudiar la variabilidad genética de las



poblaciones, la caracterización de distintas líneas o razas y la comprobación de las relaciones de parentesco (Pepin et al., 1995).

2.1.12. Genealogía

La genealogía es el seguimiento de la ascendencia y descendencia de animal o población que se expresa como un diagrama de pedigrí o también conocido como árbol genealógico, con el fin de preservar e incluso mejorar sus características raciales, mediante el uso para manejo técnico de la población mediante programas de mejora genética. Así como (Gutiérrez, J. P., y Goyache, F. 2005), para la construcción de la genealogía se requiere la identificación de los animales, registro de cruzamiento, fecha de nacimiento y parición.



CAPITULO III

MATERIALES Y MÉTODOS

3.1. ÁMBITO DE ESTUDIO

El presente estudio se realizó en el CIP Quimsachata, de la Estación Experimental Agraria Illpa Puno, del Instituto Nacional de Innovación Agraria (INIA) ubicado entre los distritos de Santa Lucía y Cabanillas de las provincias de Lampa y San Román respectivamente, Región de Puno; está a una altitud de 4190 m, 15°47'43" latitud sur, 70°37'22" longitud oeste; La temperatura media es de 9°C (fluctúa de -12°C a 18°C), con 40% de humedad relativa y una precipitación pluvial anual que varía de 400 a 688.33 mm. (SENHAMI, 2016), y en la unidad de Biotecnología Molecular de la Universidad Peruana Cayetano Heredia (UBM UPCH) ubicado en el distrito de San Martín de Porres, Provincia de Lima, región Lima.

3.2. ANIMALES

Para el presente estudio se utilizaron 239 llamas (*Lama glama*) de la raza q'ara, 80 hembras mayores a dos años (Madres), 39 machos mayores a tres años (padres) que ingresaron al empadre de la campaña 2015 y 120 crías vivas antes del destete en la campaña de parición del 2016 (crías), con un sistema de crianza extensiva a base de pasturas naturales de puna seca, del CIP Quimsachata de la Estación Experimental Agraria Illpa Puno, del Instituto Nacional de Innovación Agraria.



3.3. MATERIALES

3.3.1. Materiales de campo

- Máquina fotográfica
- Lapiceros
- Cuaderno de campo
- Marcador indeleble
- Tubos vacutainer.
- Agujas vacutainer.
- Capuchón para tubo y aguja vacutainer.
- Caja de tecnopor
- Registro de llamas a muestrear
- Registro de empadre y parición
- Aretes
- Aretador

3.3.2. Equipos

- Centrifuga
- Pipeta descartable
- Pets Eppendorf
- Congeladora -20°C



3.3.3. Criterio de selección de animales

Para el presente trabajo se tomó muestras de sangre a aquellas llamas (padres, madres y crías) de los cuales no se sabía el padre y/o la madre o de las que se tenía cierta duda de sus padres, asimismo que estén identificadas al momento del muestreo y que también estos animales se ajusten a los estándares del fenotipo de la variedad q´ara.

3.4. METODOLOGÍA

3.4.1. Toma de muestras:

La muestra de sangre se tomó mediante punción de la vena yugular utilizando agujas Vacutainer de 20 G en tubos Vacutainer de 10 ml con anticoagulante (K3E: potasio – EDTA al 15%), las cuales fueron rotulados con el número de arete y almacenadas en refrigeración, desarrollado en las instalaciones del banco de germoplasma de llamas del CIP Quimsachata (INIA-Puno).

3.4.2. Obtención de la capa leucocitaria.

Las células blancas se aislaron a partir de sangre entera mediante la centrifugación a 5000 RPM durante 10 minutos, se aisló células blancas en tubos Eppendorf® de 1 ml que posteriormente fueron congelados a -20°C, se rotulo las muestras con la identificación correlativa asignada a cada muestra en el laboratorio de biotecnología reproductiva del CIP Quimsachata del INIA- Puno, para luego ser remitidas las muestras al laboratorio de la Unidad de Biotecnología Molecular de la Universidad Peruana Cayetano Heredia de la ciudad de Lima.



3.4.3. Muestras analizadas

Se analizaron un total de 239 muestras (80 madres, 120 crías y 39 padres) a partir de muestras de leucocitos extraídos a partir de sangre entera obtenida por punción en vena yugular, las muestras fueron recodificados mediante número correlativos previos a la realización del análisis.

3.4.4. Extracción y amplificación de ADN.

El ADN genómico fue extraído a partir de 400 µl de células blancas (capa leucocitaria) obtenidas a partir de sangre entera utilizando el método de columnas de silica presente en el kit de extracción de ADN genómico de tejido: GF-1 DNA extraction tissue kit (Vivantis–GeneOn) siguiendo las indicaciones del fabricante y modificaciones previamente estandarizadas para el tipo y calidad de muestra.

Doce loci microsatélites descritos para alpacas y llamas (LCA99, LCA71, LCA94, LCA66, YWLL36, LCA5, LCA77, LCA19, YWLL40, YWLL29, YWLL44 y LCA08), (Lang et al.1996, Penedo et al., 1998; Penedo et al., 1999) fueron amplificados en dos reacciones de PCR múltiple utilizando Qiagen Multiplex PCR Kit (QIAGEN) en un termociclador modelo 9700 GeneAmp® (Applied Biosystem), todo ello realizado en el laboratorio de la Unidad de Biotecnología Molecular de la Universidad Peruana Cayetano Heredia en la ciudad de Lima.

3.2.5. Diseño de paneles de amplificación múltiple

Los 2 paneles de 7 y 5 loci microsatélites amplificaron óptimamente en una sola reacción de PCR múltiple. Los microsatélites incluidos en cada panel, se detallan en las tablas 1.

Tabla 1. Loci microsatélites, secuencia de primer y tipo de fluorocromo incluidos en cada panel de PCR múltiple utilizados para la determinación de filiación de llamas del Anexo Quimsachata INIA Puno.

Panel	N° de loci	Microsatélite	Fluoroforo	Secuencia cebadora de avance (5'-3')	secuencia cebadora de retorno (5'-3')	fuelle
A	7	LCA99	5-FAM	TTTTTCCCCCTGTGGTTGAAT	AACTCAGCTGTTGTCAGGGG	Penedo et al,1999
		LCA71	5- FAM	CAGACATATACCTGTATCCGTATCTA	TTCAGTGTTCCTCGCAATG	Penedo et al,1998
		LCA94	HEX	GTCCATTTCATCCAGCACAGG	ACATTTGGCAATCTCTGGAGAA	Penedo et al,1998
		LCA66	HEX	GTGCAGCGTCCAAATAGTCA	CCAGCATCGTCCAGTATTCA	Penedo et al,1998
		YWLL36	TAMRA	AGTCTTGGTGTGGTAGAA	TGCCAGGATACTGACATTTCAT	Lang et al, 1996
		LCA5	TAMRA	GTGGTTTTTGCCCAAGCTC	ACCTCCAGTCTGGGGATTTC	Penedo et al,1998
		LCA77	TAMRA	TGTTGACTAGAGCCTTTTCTCTTT	GGGCAAGAGAGACTGACTGG	Penedo et al,1998
		LCA19	5- FAM	TAAGTCCAGCCCCACACTCA	GGTGAAGGGGCTTGA TCT TC	Penedo et al,1998
B	5	YWLL40	5- FAM	CACATGACCATGTCCCTTAT	CCAGTGACAGTGTGACTAAGA	Lang et al, 1996
		YWLL29	5- FAM	GAAGGCAGGAGAAAAGGTAG	CAGAGGCTTAATAAAGTGCAG	Lang et al, 1996
		YWLL44	HEX	CTCAACAATGTAGACCTTGG	GAGAACAACAGGCTGGTGAATA	Lang et al, 1996
		LCA08	TAMRA	GCTGAACCAACAATGCAAAGA	AATGCAGATGTGCCTCAGTT	Penedo et al,1998

Fuente: Laboratorio de Biotecnología Molecular de la UPCH



3.2.6. Análisis de parentesco

Los genotipos multilocus de 12 loci microsatélites fueron utilizados en la determinación de parentesco en las muestras de llamas. La determinación de parentesco (paternidad y maternidad) se realizó mediante el cálculo del índice de paternidad (PI) expresado como valores de LOD y valor de Delta (Δ) utilizando el programa Cervus v3.0 (Kalinowski et al., 2007).

3.2.7. Error de asignación:

Para determinar el error asignación de paternidad y maternidad se comparó los resultados de filiación determinadas mediante el uso de marcadores microsatélite con los registros genealógicos de llamas del CIP Quimsachata (INIA – Puno), del año 2016

3.2.8. Construcción genealógica:

La genealogía fue construida con los resultados de la prueba de paternidad y maternidad y analizados con el programa Endog v.4.8. en el cual se determinó el grado de profundidad de pedigrí, para lo cual previamente se recodificó los aretes de las llamas siguiendo una secuencia numérica correlativa cuyos campos fueron los siguientes:

- Individuo
- Padre
- Madre
- Fecha de nacimiento
- Sexo



CAPITULO IV

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

4.1. DETERMINAR LA PATERNIDAD Y MATERNIDAD MEDIANTE ANÁLISIS DE ADN (MICROSATÉLITES)

Un requisito principal requerido para la aplicación de estrategias de manejo del mejoramiento genético, es el conocimiento del parentesco de los individuos a fin de generar registros genealógicos fiables. De igual forma, contar con un servicio de pruebas de paternidad resulta de utilidad para los criadores de ganado en la medida en que les permite resolver problemas asociados a la falta o incorrecta asignación de identidad de los animales pertenecientes a un hato y el uso de un panel de 12 microsatélites en llamas, nos ayuda a minimizar tiempo e incrementar la sensibilidad en los controles de filiación (paternidad y/o maternidad), el análisis de laboratorio de las muestras de sangre se determinó el número de alelos, en promedio 11.083 alelos por locus y la probabilidad de exclusión de cada marcador con un valor de probabilidad de exclusión acumulada de 0.999984 demostrando su utilidad para uso en pruebas de parentesco (tabla 2). Con similar resultado a lo reportado por Morón et al. (2016) quien indica un valor de PEC de 0.999994, con el uso de 15 marcadores de microsatélite, en 247 alpacas en la región Pasco con muestras de folículo piloso Agapito et al., (2008) y Rodríguez et al., (2004) utilizaron con 10 marcadores de microsatélite en 329 alpacas en la región de Cusco, Puno, Huancavelica y Junin; y 47 alpacas de cusco reportaron 0.999991 de probabilidad de exclusión}, el que es similar a lo reportado también por Yalta et al., (2014) con valor de PEC de 0,999996, en 183 alpacas; por otro lado, Iannacone, (2006) reporta una probabilidad de exclusión de 0.9917 esta diferencia se debe probablemente al uso 7

marcadores microsatélite utilizados pero sin embargo el autor del estudio considera que le permitió hacer una buena discriminación de individuos.

Tabla 2. Numero de alelos por locus, Probabilidad de exclusión individual y acumulada de 239 genotipos de llama del CIP Quimsachata (INIA-Puno)

Locus	Nº alelos	Probabilidad de exclusion
LCA5	11	0.536
LCA66	10	0.531
LCA71	5	0.266
LCA77	18	0.74
LCA94	8	0.603
LCA99	13	0.659
YWLL36	13	0.725
YWLL29	9	0.579
YWLL40	6	0.439
YWLL44	16	0.737
LCA19	12	0.488
LCA8	12	0.685
	11.083	0.999984

Para la asignación de maternidad y paternidad mediante al análisis de ADN de los animales genotipados, usando criterios de restricción al 0.05 (relajado) y 0.01 (estricto) de nivel de significación; La prueba de determinación de parentesco resolvió un total de 51 casos de asignación de maternidad (Tabla 3), y un total de 79 casos para asignación de paternidad (Tabla 4). Las relaciones de maternidad identificadas presentaron un rango de valores de LOD para la más probable madre de 2.18 a 16.83, valor de Delta (Δ) de 0.20 a 16.83, resultados similares a los reportes de Rodríguez (2009) que indica valores de LOD de 2.885 a 13.968 y valores del delta 1.499 a 13.968 y superiores a los reportados por (Yalta et al., 2004) con valores de LOD de -37.7 a -2.93, cuando hay error en la asignación de maternidad; Mientras que para la asignación del más probable padre, se obtuvo valores de LOD de 1.01 a 13.45, valor de Delta (Δ) de 1.01 a 13.45 (Tabla 4), estos valores obtenidos son mayores a los valores reportados por Rodríguez, (2009) que menciona rango de valores LOD y delta de 0.617 a 10.417, esta variación posiblemente

se debe al número de marcadores utilizados, e inferiores a los reportados por Yalta et al., (2004) con valores de LOD de -34.80 a -13.10 cuando hay error en la asignación de paternidad y a los reportados por Morón y col., (2016) con valores LOD de -22.70 a -0.83.

Tabla 3. Relación de parentesco cría-madre de 51 casos de asignación de maternidad determinado con el programa Cervus v3.0 donde se detalla valores de Loci no compatibles (LNC), valores de LOD, valores de Delta y nivel de confianza en llama q'ara CIP Quimsachata (INIA-Puno).

Nº	Cría	Madre candidata	Loci	LNC	LOD score	Delta	Nivel de confianza
1	10116	270409	12	0	14.5807	14.5807	99%
2	11116	186312	12	0	8.3026	8.3026	99%
3	17116	51212	12	0	4.6854	4.6854	99%
4	30116	19114	12	0	4.0254	4.0254	95%
5	35116	29110	12	0	6.1176	0.8486	95%
6	40116	007108	12	0	10.3090	10.3090	99%
7	54216	156207	12	0	4.9884	1.7513	95%
8	55216	133212	12	0	6.3154	6.3154	99%
9	66216	191311	12	0	2.8971	0.5672	95%
10	70216	243312	12	0	7.1756	7.1756	99%
11	74216	260409	12	0	6.4254	0.7431	95%
12	76216	031103	12	0	5.4894	5.4894	99%
13	81216	210312	12	0	8.7026	5.9768	99%
14	82216	71210	12	0	6.7224	6.7224	99%
15	86216	053207	12	0	14.1716	14.1716	99%
16	87216	110208	12	0	5.9430	2.7117	95%
17	100216	084208	12	0	7.1148	7.1148	99%
18	101216	38113	12	0	7.1905	7.1905	99%
19	110216	114208	12	0	3.8211	3.8211	95%
20	114216	14114	12	0	10.9217	0.9989	95%
21	125216	135209	12	0	4.5130	4.5130	99%
22	129216	134310	12	0	5.4410	0.3033	95%
23	138216	047108	12	0	4.5676	1.8765	95%
24	140216	59212	12	0	3.8986	3.8986	95%
25	142216	91210	12	0	11.2898	11.2898	99%



26	144216	202311	12	0	4.2192	4.2192	95%
27	167216	120212	12	0	6.2107	0.3328	95%
28	169216	075209	12	0	5.1571	0.3841	95%
29	174216	164310	12	0	9.2327	5.0752	99%
30	176216	190410	12	0	6.4586	1.7385	95%
31	184216	170308	12	0	5.3845	5.3845	99%
32	192316	28031	12	0	6.0665	6.0665	99%
33	196316	124310	12	0	9.2060	9.2060	99%
34	197316	214308	12	0	6.7865	6.7865	99%
35	207316	1906	12	0	8.8173	8.8173	99%
36	213316	44111	12	0	9.3793	6.4250	99%
37	215316	113210	12	0	6.1527	2.8591	95%
38	216316	200205	12	0	7.2685	7.2685	99%
39	223316	237312	12	0	8.8090	8.8090	99%
40	224316	95210	12	0	6.6786	3.8050	95%
41	229316	90113	12	0	9.2586	9.2586	99%
42	234316	179308	12	0	4.9333	4.9333	99%
43	236316	223213	12	0	6.1721	6.1721	99%
44	237316	072209	12	0	14.8598	13.5546	99%
45	248316	178410	12	0	4.6564	0.2077	95%
46	256416	80210	12	0	2.1817	0.5377	95%
47	259416	15112	12	0	4.5005	4.5005	99%
48	266416	84212	12	0	11.1349	5.6991	99%
49	267416	109211	12	0	16.8319	16.8319	99%
50	271416	60212	12	0	4.5630	2.1551	95%
51	33115	1906	12	0	11.5225	11.5225	99%

Tabla 4. Relación de parentesco de cría y padre de 79 casos de asignación de paternidad determinados con el programa Cervus v3.0, donde se detalla valores de Loci no compatibles (LNC), valores de LOD, valores de Delta, y nivel de confianza en llamas q´ara CIP Quimsachata (INIA-Puno).

Nº	Cría	Madre candidata	Loci	LNC	LOD score	Delta	Nivel de confianza
1	10116	249312	12	0	8.24991	6.28026	99%
2	11116	020108	12	0	5.63591	5.63591	99%
3	15116	239206	12	0	7.80727	7.80727	99%
4	17116	154206	12	0	6.60488	6.60488	99%
5	18116	076106	12	0	10.18369	10.18369	99%
6	20116	333306	12	0	7.59408	7.59408	99%
7	33116	021109	12	0	7.10838	3.89508	95%
8	35116	233206	12	0	5.45901	1.67243	95%
9	40116	140206	12	0	9.54689	9.54689	99%
10	47116	239206	12	0	9.17736	9.17736	99%
11	51216	193206	12	0	8.02589	8.02589	99%
12	52216	103209	12	0	2.92272	2.92272	95%
13	53216	103209	12	0	1.81853	1.81853	95%
14	55216	020108	12	0	5.39929	5.39929	99%
15	66216	239206	12	0	9.89493	8.29166	99%
16	70216	17110	12	0	6.74675	6.74675	99%
17	74216	024107	12	0	6.52461	6.52461	99%
18	81216	076106	12	0	10.45180	7.16151	99%
19	82216	17110	12	0	7.66830	3.98297	95%
20	83216	020108	12	0	4.94061	4.34374	95%
21	87216	048109	12	0	3.95273	3.95273	95%
22	88216	19110	12	0	4.45453	4.45453	95%
23	90216	193206	12	0	8.61701	3.22477	95%
24	94216	103209	12	0	6.12282	6.12282	99%
25	99216	059209	12	0	8.03099	3.77614	95%
26	101216	131209	12	0	3.59545	3.59545	95%
27	105216	080106	12	0	7.33046	7.33046	99%
28	107216	17110	12	0	8.56570	8.56570	99%
29	110216	020108	12	0	4.31978	4.31978	95%
30	114216	239206	12	0	10.92170	10.92170	99%
31	122216	015107	12	0	8.27683	8.27683	99%
32	124216	193206	12	0	8.85023	8.85023	99%
33	126216	136208	12	0	5.23658	5.23658	99%



34	129216	255408	12	0	1.00806	1.00806	95%
35	131216	17110	12	0	6.25194	6.25194	99%
36	133216	136208	12	0	6.70227	4.45414	99%
37	138216	059209	12	0	6.21899	1.33115	95%
38	140216	021109	12	0	3.33107	3.33107	95%
39	142216	048109	12	0	7.98369	7.98369	99%
40	144216	333306	12	0	13.45069	13.45069	99%
41	146216	255408	12	0	5.42138	5.42138	99%
42	151216	140206	12	0	7.88692	7.88692	99%
43	158216	154206	12	0	4.07469	2.06537	95%
44	161216	080106	12	0	3.48111	3.48111	95%
45	164216	20110	12	0	5.64210	5.64210	99%
46	166216	233206	12	0	1.92096	1.92096	95%
47	169216	076106	12	0	10.30575	10.30575	99%
48	174216	080106	12	0	2.41904	2.41904	95%
49	176216	048109	12	0	7.60915	7.60915	99%
50	177216	076106	12	0	9.38619	3.90744	95%
51	184216	20110	12	0	7.94691	7.94691	99%
52	192316	140206	12	0	5.11722	2.81642	95%
53	196316	048108	12	0	6.58849	6.58849	99%
54	197316	048109	12	0	5.69742	1.69135	95%
55	198316	19110	12	0	9.41432	9.41432	99%
56	204316	239206	12	0	9.85293	9.85293	99%
57	210316	239206	12	0	9.43276	9.43276	99%
58	212316	19110	12	0	11.31507	3.82259	95%
59	213316	154206	12	0	3.78222	3.78222	95%
60	215316	103209	12	0	7.26286	7.26286	99%
61	216316	333306	12	0	6.93701	2.88274	95%
62	223316	193206	12	0	9.83526	9.83526	99%
63	224316	233206	12	0	5.20310	5.20310	99%
64	225316	255408	12	0	6.09298	6.09298	99%
65	227316	159310	12	0	5.55270	5.55270	99%
66	228316	080106	12	0	4.94546	1.56543	95%
67	229316	154206	12	0	6.09971	6.09971	99%
68	232316	103209	12	0	2.55133	2.55133	95%
69	234316	076106	12	0	8.96556	4.89738	99%
70	236316	20110	12	0	5.98330	5.98330	99%
71	237316	233206	12	0	3.38464	3.38464	95%
72	239316	099106	12	0	6.22226	6.22226	99%



73	240316	159310	12	0	6.70810	6.70810	99%
74	248316	048109	12	0	7.82728	7.82728	99%
75	259416	154206	12	0	6.13141	6.13141	99%
76	267416	255408	12	0	7.49504	7.49504	99%
77	271416	17110	12	0	7.35433	2.94195	95%
78	272416	159310	12	0	5.64039	2.83935	95%
79	33115	105209	12	0	4.02159	4.02159	95%

A partir de los datos registrados de llamas se identificaron 41 familias constituidas (Tabla 5), las triadas identificadas (padre, madre y cría).

Tabla 5. Parentesco familia nuclear padre, madre y cría en 41 familias registradas determinadas con el programa Cervus v3.0 en llamas del CIP Quimsachata (INIA-Puno).

N°	Cría	Madre candidata	Padre candidato
1	10116	270409	249312
2	11116	186312	020108
3	17116	51212	154206
4	35116	29110	233206
5	40116	007108	140206
6	55216	133212	020108
7	66216	191311	239206
8	70216	243312	17110
9	74216	260409	024107
10	81216	210312	076106
11	82216	71210	17110
12	87216	110208	048109
13	101216	38113	131209
14	110216	114208	020108
15	114216	14114	239206
16	129216	134310	255408
17	138216	047108	059209
18	140216	59212	021109
19	142216	91210	048109
20	144216	202311	333306



21	169216	075209	076106
22	174216	164310	080106
23	176216	190410	048109
24	184216	170308	20110
25	192316	28031	140206
26	196316	124310	048108
27	197316	214308	048109
28	213316	44111	154206
29	215316	113210	103209
30	216316	200205	333306
31	223316	237312	193206
32	224316	95210	233206
33	229316	90113	154206
34	234316	179308	076106
35	236316	223213	20110
36	237316	072209	233206
37	248316	178410	048109
38	259416	15112	154206
39	267416	109211	255408
40	271416	60212	17110
41	33115	1906	105209

4.2. ERROR DE ASIGNACIÓN DE PADRES Y MADRES.

En la Tabla 6 se puede observar el error de asignación de padres y madres comparado con los registros de parición y los resultados de las pruebas de paternidad y maternidad. De las 79 crías, 38 (48.10%) de éstas coinciden los padres con los registros de parición y la prueba de paternidad, 8 (10.13%) de las cuales no coinciden y 33 (41.77%) no se tenía identificado el padre y con la prueba de paternidad se logró identificar al padre. El error de asignación del padre de este estudio es menor a los reportado por Yalta (2014) quien indica un 30.4% y 17.95% de error de asignación de paternidad en los fundos Itita y Munay Paqocha de la región Puno respectivamente. De las 51 crías, 36 (70.59%) de éstas coinciden las madres con los registros de parición y la prueba de maternidad, 9 (17.65%) de las cuales no coinciden y 6 (11.76%) no se tenía



identificado a la madre y con la prueba de maternidad se logró identificar a la madre; asimismo el error de asignación de la madre en este trabajo es similar al reporte de Yalta (2014) el cual indica los valores de 13.04% y 7.69% en los fundos Itita y Munay Paqocha de la región Puno respectivamente.

Tabla 6. Error de asignación de padres y madres de llamas del Anexo Quimsachata INIA Puno.

Detalle	Paternidad		Maternidad	
	n	%	n	%
Coincidente	38	48.10	36	70.59
Error de Asignación	8	10.13	9	17.65
Identificado por ADN	33	41.77	6	11.76
Total, general	79	100.00	51	100.00

4.3. CONSTRUCCIÓN GENEALÓGICA.

En la figura 1 se puede observar que el número total de llamas con información de genealogía es de 184 los cuales se consideraría como tamaño de la población, de los cuales el 42.93% tiene identificado al padre y el otro 42.93% tiene identificada a la madre; los animales de quienes no se conoce Ambos padres se consideran como población base o fundadora. Asimismo, existen 105 animales con uno o más padres desconocidos, el coeficiente de consanguinidad es de 0.00% el cual indica que no existe animales consanguíneos debido a que la mayoría de los animales son fundadores y sólo se conoce hasta los padres mas no así los abuelos, bisasuelos, etc.; y el número de ancestros que explican el 50% de la variabilidad genética es de 23 animales.

Tabla 7. Estructura genética y poblacional de llamas con información de genealogía reconstruida.

Detalle	Valor
Tamaño de la población	184
Población base (uno o más padres desconocidos)	105
Coefficiente de consanguinidad, %	0.00
Número de ancestros que explican el 50% de la variación	23

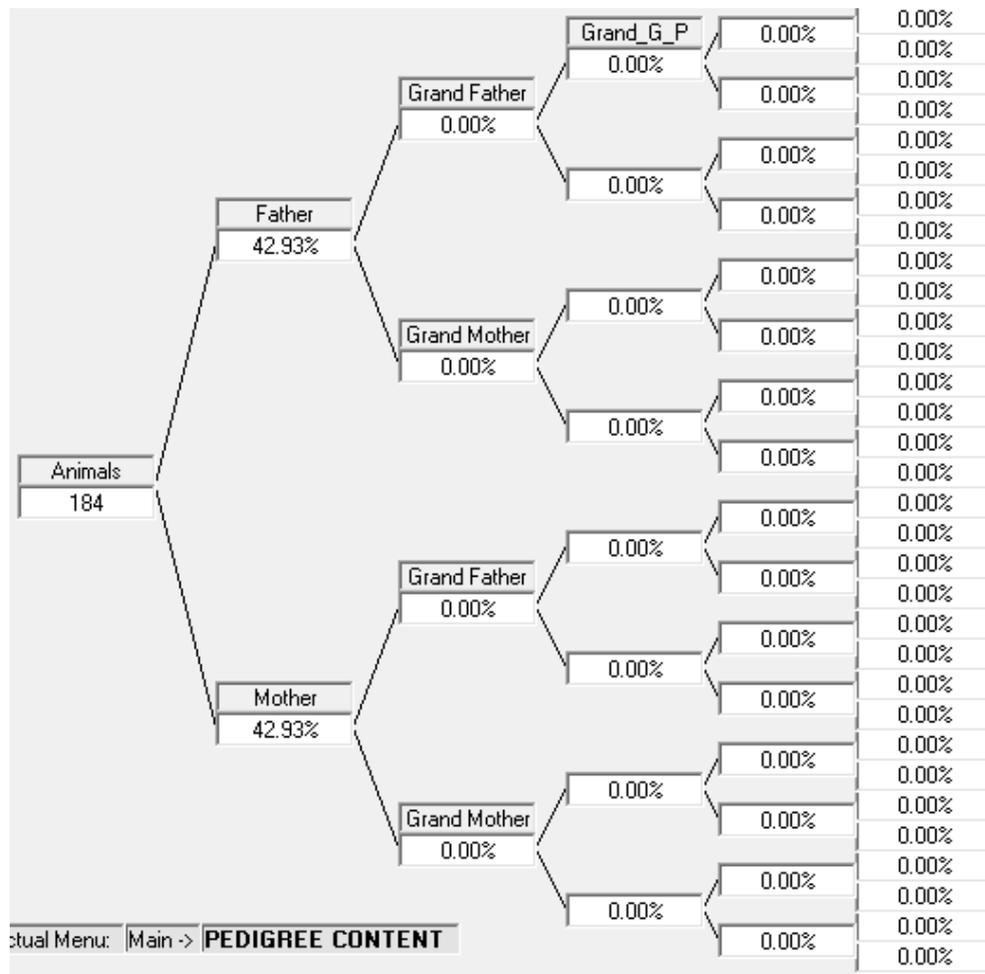


Figura 4. Árbol genealógico reconstruido de llamas del CIP Quimsachata (INIA - Puno)



V. CONCLUSIONES

Para la determinar la paternidad y maternidad mediante análisis de ADN (microsatélites), en llamas q'ara del CIP Quimsachata (INIA – Puno), se utilizó 12 marcadores microsatélite y se determinó 79 casos para asignación de maternidad; 39 casos para asignación de paternidad y 24 casos de filiación familiar con un rango de valores LOD de 3.84 a 16.6 y valores Delta (Δ) en un rango de 1.76 a 16.6, con una probabilidad de exclusión acumulada de 0.9999845 y con nivel de confiabilidad de 95 a 99%, de llamas q'aras nacidas el año 2016.

Para la determinar el error de asignación de paternidad y maternidad, mediante análisis de ADN (microsatélites), en comparación con los registros de genealogía en llamas q'ara del CIP Quimsachata (INIA – Puno), se determinó que el error de asignación del padre fue de 10.13% y de la madre fue de 17.65%.

Y finalmente para la construcción de la genealogía mediante análisis de ADN (microsatélites), de llamas q'ara crías nacidas en la campaña 2016, del CIP Quimsachata (INIA – Puno). Con el programa ENDOG V4.8. Se determinó que el número total de llamas con información de genealogía de 184, de los cuales el 42.93% tiene identificado al padre y el otro 42.93% tiene identificada a la madre; Asimismo existen 105 animales con uno o más padres desconocidos, el coeficiente de consanguinidad es de 0.00% y el número de ancestros que explican el 50% de la variabilidad genética es de 23 animales.



VI. RECOMENDACIONES

Se recomienda utilizar pruebas de filiación mediante ADN para disminuir el error de asignación de paternidad y maternidad en centros de producción de llamas que cuentan con registros genealógicos y en centros de producción de llamas donde no se cuenta con registros genealógicos se recomienda utilizar marcadores microsatelite para reconstruir la genealogía.

Implementar registros genealógicos nacionales para llamas y utilizar esta herramienta para validar datos genealógicos as como la validación de registros genealógicos con análisis de ADN.

Realizar estudios similares en otras especies de animales que cuenta nuestra región de Puno para la mejora animal.



VII. REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Agapito, J., J. Rodríguez, P. Herrera-Velit, O. Timoteo, P. Rojas, P. J. Boettcher, F. García and J. R. Espinoza (2010). "Parentage testing in alpacas (*Vicugna pacos*) using semi-automated fluorescent multiplex PCRs with 10 microsatellite markers." *Animal Genetics* 39(2): 201-203.
- Aguilera-Reyes, U., G. Zavala-Páramo, J. Valdez-Alarcón, H. Cano- Camacho, G. García-López, N. Pescadro-Salas, (2006). Multiple mating and paternity determinations in domestic swine (*Sus scrofa*). *Animal. Research.*, 55(5),409-417.
- Avise, J. (2004) *Molecular markers, natural history, and evolution*. 2da. Ed. Sinauer Associates, Inc. Publishers. USA:161-169.
- Binns, M., J. Swinburne., M. Breen, (2000). Molecular genetics of the horse. In: *The genetics of the horse*, 109-121.
- Butler, J.M. (2005). *Forensic DNA typing. Biology, technology and genetics of STR markers*. 2da. Ed. Elsevier Academic Press. USA: 455-539.
- Cifuentes, L., E. Martinez, M. Acuña, H. Jonquiere, (2006). Probability of Exclusion in Paternity Testing: Time to Reassess. *Journal of forensic sciences*, 51(2), 349-350
- Di Rocco F., Posik D. M., Ripoli M. V., Díaz S., Maté M. L., Giovambattista G., y VidaL-Rioja L. (2011). South American camelid illegal traffic detection by means of molecular markers. *Legal Medicine*, 13(6), 289-292.
- FAO .(2005). *Situación Actual de los Camélidos Sudamericanos en el Perú*. Organización de las Naciones Unidas para la Agricultura y la Alimentación. Proyecto de Cooperación Técnica en apoyo a la crianza y aprovechamiento de los Camélidos Sudamericanos en la Región Andina. TCP/RLA.
- De Robertis, E. M., Hib, J., y Ponzio, R. (2001). *Biología celular y molecular*, decimo quinta edición, sexta reimpresión, Editorial El Ateneo
- Freeland, J.R. (2005). *Molecular Ecology*. John Wiley y Sons Inc. USA: 110-111.
- Gallori, E., (2016). *Atlas ilustrado de genética*, unida edición, Susaeta ediciones.



- Ganai, N., B. Yadav. (2005). Parentage Determination in Three Breeds of Indian Goat Using Heterologous Microsatellite Markers. In: Applications of Gene-Based Technologies for Improving Animal Production and Health in Developing Countries. Eds. H. Makkar y G. Viljoen. Springer. Netherlands, 613-620.
- Garrido, J. J., Capote, C. B., Morera, L., de Andrés Cara, D. F., & Barbancho, M. (1999). Detección de variabilidad genética por microsatélites en el alano español. Archivos de zootecnia, 48(181), 63-70.
- Gentry, A., Clutton-Brock, J., Groves, C. P. (2004). The naming of wild animal species and their domestic derivatives. Journal of Archaeological Science, 31(5), 645-651.
- Gutiérrez, G.; Mendoza, A.; Wolfinger, B.; Quina, E.; Rodríguez, A.; Mendoza, J.; Tantahuilca, 199 F. y Wurzinger, M. (2012). Caracterización de la Crianza de Llamas de la Sierra Central del 200 Perú. VI Congreso Mundial de Camélidos Sudamericanos. Arica - Chile.
- Gutiérrez, J. P., y Goyache, F. (2005). A note on ENDOG: a computer program for analysing pedigree information. Journal of Animal Breeding and Genetics, 122(3), 172-176.
- Huanca, T., Apaza, N., y Gonzales, M. (2007). Experiencia del INIA en el fortalecimiento en el banco de germoplasma de camélidos domésticos. Archivos Latinoamericanos de Producción Animal, 15
- Hancock, J. (1991). Microsatellites and other simple sequences: genomic context and mutational mechanisms. En: Microsatellites. Evolution and applications. 1-9. Goldstein D; C. Schlötterer (eds). Oxford University Press. Oxford.
- Iannacone, G. (2006). Uso de marcadores microsatélites en la determinación de la paternidad en alpacas de raza Huacaya. Tesis para optar el Grado de Magister Scientiae. UNALM. Especialidad en Producción Animal. Escuela de Post Grado. Lima - Perú. pp. 57 - 97.
- INEI (Instituto Nacional de Estadística e Informática, PE). (2012). IV Censo Nacional Agropecuario. Lima, PE.



- 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. *Proceedings. Biological sciences*, 268(1485), 2575–2584. <https://doi.org/10.1098/rspb.2001.1774>.
- Kalinowski S.T., Taper M.L., Marshall T.C. (2007) Revising how the computer program CERVUS accommodates genotyping error increases success in paternity assignment. *Molecular ecology*, 16(5), 1099-1106.
- Kankan, D., Fado, M. (1999) Estimations of the efficacy and reliability of paternity assignments from DNA microsatellite analyses of multiple-sire matings. *Animal genetics*, 30(5), 355-361.
- Lang, K., Y. Wang and Y. Plante .(1996). Fifteen polymorphic dinucleotide microsatellites in llamas and alpacas. *Animal Genetics* 27(4): 293-293.
- Lozano J.M., Bouzada J.A., Pérez E.M., Oliver F., Tormo B., Canals A., Montoro V. (2002). Aplicación del análisis mediante microsatélites de ADN al control de filiación del esquema de selección de la raza caprina murciano-granadina. XXVII Jornadas científicas y Jornadas internacionales de la Sociedad Española de Ovinotecnia y Caprinotecnia (SEOC).
- Luque J., Herraiz A. (2002), *Biología Molecular e ingeniería genética conceptos, técnicas y aplicaciones en ciencias de la salud*, única edición, Elsevier Science.
- Mamani-Cato R.H., Gonzáles M.L., Condori-Rojas N., Huacani-Pacori F.M., Checalla V.M. (2021). Parámetros productivos en camélidos sudamericanos. *Manglar* 18(4), 403-409.
- Marin J., Zapata B., Gonzales B., Bonacic C., Wheeler J., Casey C., Bruford M., Palma E., Poulin E., Alliende A. y 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.
- Marshall, T.C., Slate, J., Kruuk L.E.B., Pemberton, J.M. (1998). Statistical confidence for likelihood-based paternity inference in natural populations. *Molecular ecology*, 7(5), 639–655.



- Mommens, G., A. Van Zeveren and L. Peelman (1998). Effectiveness of bovine microsatellites in resolving paternity cases in American bison, *Bison bison* L. *Animal Genetics* 29(1), 12-18.
- Morón J., Veli E., Gutiérrez G. (2016). verificación de la genealogía en alpacas (*Vicugna pacos*) usando un panel de microsatélites, tesis de maestría de la UNALM.
- Oliveira E. J., Pádua J. G., Zucchi M. I., Vencovsky R., & Vieira M. L. C. (2006) .Origin, evolution and genome distribution of microsatellites. *Genetics and Molecular Biology*.29 (2), 294-307.
- Pádár, Z., Egyed, B., Kontadakis, K., Zöldág, L., Fekete, S. (2001). Resolution of parentage in dogs by examination of microsatellites after death of putative sire: case report. *Acta Veterinaria Hungarica*, 49(3):269– 273.
- Penedo, M.C.T., Caetano, A. R., Cordova, K., (1998) b. Eight microsatellite markers for South American camelids. *Anim. Genet.*, 30, 161-168.
- Penedo, M.C.T., Caetano, A. R., Cordova, K.I., (1998) a. Microsatellite markers for South American camelids. *Anim. Genet.*, 29, 398-413.
- Penedo, M.C.T., Caetano, A.R., Cordova, K.I., (1999). Six microsatellite markers for South American camelids. *Anim. Genet.*, 30, 382-405
- Pepin L., Amigues Y., Lepingle A., Berthier J.L., Bensaid A., Vaiman D. (1995). Heredity, Sequence conservation of microsatellites between *Bos taurus* (cattle), *Capra hircus* (goat) and related species. Examples of use in parentage testing and phylogeny analysis. *Heredity*, 74(1), 53-61.
- Presciuttini, S., Valbonesi, A., Apaza, N., Antonini, M., Huanca, T., Renieri, C., (2010). Fleece variation in alpaca (*Vicugna pacos*) a two-locus model for the Suri/Huacaya phenotype. *BMC. Genetics.*, 11, 70.
- Renieri, C. Frank, E.N., Rosati, A.Y., Antonini, M., (2009). Definición de razas en llamas y alpacas. *Animal Genetic Resources Information*. 45, 45-54.
- Rodríguez J., Wheeler, J. C., Dodd, C. S., Bruford, M. W., Rosadio, R. (2004). Determinación de parentesco en alpacas (*Vicugna pacos*) por medio del análisis



- de ADN microsatélite. *Revista de Investigaciones Veterinarias del Perú*, 15(2), 113-119. http://www.scielo.org.pe/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1609-91172004000200004&lng=es&tlng=es.
- Rodríguez A., Gutiérrez G. R., Wurzinger M. (2021), Caracterización de la crianza de llamas (*Lama glama*) en la región Pasco, Perú. *Revista de Investigaciones Veterinarias del Perú*, 32(3), e18030.
- Rodríguez J. (2009). Diversidad genética, parentesco y estructura poblacional en alpacas (*vicugna pacos*) en el Perú. Tesis de maestría en bioquímica y biología molecular, Universidad Peruana Cayetano Heredia, Lima.
- Sherman GB, Kachman SD, Hungerford LL, Rupp GP, Fox CP, Brown MD, Feuz BM, Holm TR. (2004). Impact of candidate sire number and sire relatedness on DNA polymorphism-based measures of exclusion probability and probability of unambiguous parentage. *Animal genetics*, 35(3), 220-226.;
- Schlötterer, C., Harr, B. (2001) Microsatellite Instability. *Encyclopedia of sciences*. Nature Publishing Group/www. els. net. among guinea fowl and other poultry species. *International Journal of Genetics and Molecular Biology*, 2(3), 48-51.
- Stemmer, A., Valle Zárate, A., Nürnberg, M., Delgado, J., Wurzinger, M. Y Soelkner, J. (2005). La llama de Ayopaya: Descripción de un recurso genético autóctono. *Archivos de zootecnia*. 1(54):206-207.
- SENHAMI, 2016 <http://www.senamhi.gob.pe/load/file/04724SENA-38>.
- Tosh, J.J.; Wilton, J.W. (1994). Effects of data structure on variance of prediction error and accuracy of genetic evaluation. *Journal of Animal. Science*, 72(10), 2568-2577.
- Yucra A. (2017), Determinación de filiación mediante marcadores microsatélite en alpacas huacaya del anexo Quimsachata INIA - Puno, <http://repositorio.unap.edu.pe/handle/UNAP/831/browse?value=Yucra+Mendoza%2C+Alex&type=author>



- Weir, B. (1996) Genetic data análisis II. Methods for discrete population genetic data. Sinauer Associates Inc Publishers. Massachusetts: USA 150-156; 209-211
- Wheeler JC. (2000). Patrones prehistóricos de utilización de los camélidos sudamericanos. Boletín de Arqueología PUCP (Perú) 3: 297-306.
- Wheeler JC, L Chikhi & MW Bruford (2006) Case study in genetics of animal domestication: South American camelids. Documenting domestication: new genetic and archaeological paradigms: 329-341.
- William S., Michael R., Charote A., (2006) Conceptos de Genética, octava edición, Editorial Pearson Educación Madrid.
- Yalta C., G. Soti. y E.Veli . (2014.) Variabilidad genética y detección de error en filiación utilizando microsatélites en dos rebaños de alpacas huacaya (*Vicugna pacos*). Salud y tecnología veterinaria, 2: 134-145.
- Zhang, D-X. (2004). Lepidopteran microsatellite DNA: redundant but promising. Trends Ecol. Evol. 19:507-509.



ANEXOS

A.- Error de asignación de padres y madres

Arete	Sexo	Fecha de nacimiento	Padre	Tipo de error en la Madre	Madre	Tipo de error en el Padre
33115	H	28/01/2015	1906	Error de Asignación de la madre	105209	Error de Asignación del Padre
11116	H	15/01/2016	186312	Coincidente	020108	Identificado por ADN
10116	M	15/01/2016	270409	Coincidente	249312	Coincidente
15116	M	22/01/2016			239206	Coincidente
17116	M	25/01/2016	51212	Identificado por ADN	154206	Identificado por ADN
20116	H	25/01/2016			333306	Identificado por ADN
18116	H	25/01/2016			076106	Error de Asignación del Padre
30116	M	27/01/2016	19114	Error de Asignación de la madre		
35116	H	27/01/2016	29110	Coincidente	233206	Coincidente
33116	H	27/01/2016			021109	Identificado por ADN
40116	M	28/01/2016	007108	Identificado por ADN	140206	Identificado por ADN
47116	M	30/01/2016			239206	Identificado por ADN
53216	H	1/02/2016			103209	Error de Asignación del Padre
51216	H	1/02/2016			193206	Coincidente
54216	M	1/02/2016	156207	Error de Asignación de la madre		
52216	H	1/02/2016			103209	Identificado por ADN
55216	M	2/02/2016	133212	Coincidente	020108	Coincidente
66216	H	4/02/2016	191311	Coincidente	239206	Coincidente
70216	M	5/02/2016	243312	Coincidente	17110	Error de Asignación del Padre
74216	H	6/02/2016	260409	Error de Asignación de la madre	024107	Identificado por ADN
76216	M	7/02/2016	031103	Error de Asignación de la madre		
82216	H	8/02/2016	71210	Coincidente	17110	Coincidente



81216	M	8/02/2016	210312	Error de Asignación de la madre	076106	Coincidente
83216	H	8/02/2016			020108	Identificado por ADN
86216	H	9/02/2016	053207	Coincidente		
87216	M	9/02/2016	110208	Coincidente	048109	Coincidente
90216	H	9/02/2016			193206	Coincidente
88216	M	9/02/2016			19110	Identificado por ADN
94216	H	10/02/2016			103209	Coincidente
101216	M	12/02/2016	38113	Coincidente	131209	Coincidente
100216	M	12/02/2016	084208	Coincidente		
99216	H	12/02/2016			059209	Error de Asignación del Padre
105216	H	13/02/2016			080106	Coincidente
107216	H	13/02/2016			17110	Coincidente
110216	M	14/02/2016	114208	Coincidente	020108	Identificado por ADN
114216	H	15/02/2016	14114	Identificado por ADN	239206	Identificado por ADN
122216	M	17/02/2016			015107	Identificado por ADN
129216	M	18/02/2016	134310	Coincidente	255408	Error de Asignación del Padre
125216	H	18/02/2016	135209	Coincidente		
131216	M	18/02/2016			17110	Coincidente
126216	H	18/02/2016			136208	Identificado por ADN
124216	H	18/02/2016			193206	Identificado por ADN
138216	H	19/02/2016	047108	Coincidente	059209	Coincidente
140216	H	19/02/2016	59212	Error de Asignación de la madre	021109	Identificado por ADN
142216	M	19/02/2016	91210	Coincidente	048109	Coincidente
133216	H	19/02/2016			136208	Coincidente
144216	M	19/02/2016	202311	Coincidente	333306	Coincidente
146216	M	20/02/2016			255408	Coincidente
151216	H	20/02/2016			140206	Coincidente
158216	H	21/02/2016			154206	Coincidente
161216	M	21/02/2016			080106	Identificado por ADN



164216	H	22/02/2016			20110	Coincidente
166216	H	22/02/2016			233206	Identificado por ADN
169216	M	23/02/2016	075209	Coincidente	076106	Coincidente
167216	M	23/02/2016	120212	Identificado por ADN		
174216	M	25/02/2016	164310	Coincidente	080106	Identificado por ADN
176216	M	26/02/2016	190410	Error de Asignación de la madre	048109	Coincidente
177216	M	26/02/2016			076106	Identificado por ADN
184216	M	28/02/2016	170308	Coincidente	20110	Coincidente
192316	H	1/03/2016	28031	Identificado por ADN	140206	Identificado por ADN
196316	M	1/03/2016	124310	Coincidente	048108	Coincidente
198316	M	2/03/2016			19110	Coincidente
197316	H	2/03/2016	214308	Coincidente	048109	Coincidente
204316	H	4/03/2016			239206	Coincidente
207316	M	5/03/2016	1906	Coincidente		
210316	M	6/03/2016			239206	Coincidente
212316	H	6/03/2016			19110	Identificado por ADN
213316	M	7/03/2016	44111	Coincidente	154206	Coincidente
215316	H	8/03/2016	113210	Coincidente	103209	Coincidente
216316	H	8/03/2016	200205	Coincidente	333306	Coincidente
223316	H	11/03/2016	237312	Coincidente	193206	Identificado por ADN
224316	H	12/03/2016	95210	Coincidente	233206	Coincidente
225316	H	15/03/2016			255408	Identificado por ADN
229316	H	16/03/2016	90113	Coincidente	154206	Identificado por ADN
228316	M	16/03/2016			080106	Identificado por ADN
227316	M	16/03/2016			159310	Identificado por ADN
232316	M	17/03/2016			103209	Error de Asignación del Padre
234316	H	20/03/2016	179308	Coincidente	076106	Coincidente
237316	H	21/03/2016	072209	Coincidente	233206	Coincidente



236316	M	21/03/2016	223213	Error de Asignación de la madre	20110	Error de Asignación del Padre
239316	M	22/03/2016			099106	Identificado por ADN
240316	M	24/03/2016			159310	Identificado por ADN
248316	H	27/03/2016	178410	Coincidente	048109	Coincidente
256416	H	6/04/2016	80210	Identificado por ADN		
259416	H	18/04/2016	15112	Coincidente	154206	Identificado por ADN
271416	H	19/04/2016	60212	Coincidente	17110	Identificado por ADN
266416	H	19/04/2016	84212	Coincidente		
267416	H	19/04/2016	109211	Coincidente	255408	Identificado por ADN
272416	M	19/04/2016			159310	Identificado por ADN

B. – Genealogía de llamas del estudio para su análisis con el programa Endog

Cría	Padre	Madre	Sexo	Fecha
1	0	0	2	25/02/2004
2	0	0	2	21/02/2005
3	0	0	2	03/05/2005
4	0	0	1	25/01/2006
5	0	0	1	25/01/2006
6	0	0	1	29/01/2006
7	0	0	2	05/02/2006
8	0	0	1	08/02/2006
9	0	0	1	09/02/2006
10	0	0	1	14/02/2006
11	0	0	2	19/02/2006
12	0	0	1	20/02/2006
13	0	0	1	20/02/2006
14	0	0	1	10/03/2006
15	0	0	1	17/01/2007
16	0	0	1	20/01/2007
17	0	0	2	21/01/2007
18	0	0	2	17/02/2007
19	0	0	2	13/01/2008
20	0	0	1	20/01/2008
21	0	0	2	26/01/2008
22	0	0	1	27/01/2008



23	0	0	2	11/02/2008
24	0	0	2	17/02/2008
25	0	0	2	20/02/2008
26	0	0	1	26/02/2008
27	0	0	2	28/02/2008
28	0	0	2	03/03/2008
29	0	0	2	06/03/2008
30	0	0	2	08/03/2008
31	0	0	2	21/03/2008
32	0	0	1	10/04/2008
33	0	0	2	15/04/2008
34	0	0	2	19/04/2008
35	0	0	1	21/01/2009
36	0	0	2	26/01/2009
37	0	0	2	26/01/2009
38	0	0	1	29/01/2009
39	0	0	1	02/02/2009
40	0	0	2	05/02/2009
41	0	0	2	06/02/2009
42	0	0	1	15/02/2009
43	0	0	1	15/02/2009
44	0	0	1	22/02/2009
45	0	0	2	09/03/2009
46	0	0	2	01/04/2009
47	0	0	2	05/04/2009
48	0	0	1	19/01/2010
49	0	0	1	20/01/2010
50	0	0	1	20/01/2010
51	0	0	2	22/01/2010
52	0	0	2	01/02/2010
53	0	0	2	02/02/2010
54	0	0	2	04/02/2010
55	0	0	2	10/02/2010
56	0	0	2	11/02/2010
57	0	0	2	12/02/2010
58	0	0	2	22/02/2010
59	0	0	2	22/02/2010
60	0	0	2	23/02/2010
61	0	0	2	01/03/2010
62	0	0	2	05/03/2010
63	0	0	1	19/03/2010
64	0	0	2	20/03/2010
65	0	0	2	25/03/2010



66	0	0	2	03/04/2010
67	0	0	2	15/04/2010
68	0	0	2	29/01/2011
69	0	0	2	13/02/2011
70	0	0	2	09/03/2011
71	0	0	2	19/03/2011
72	0	0	2	24/01/2012
73	0	0	2	02/02/2012
74	0	0	2	03/02/2012
75	0	0	2	03/02/2012
76	0	0	2	19/02/2012
77	0	0	2	20/02/2012
78	0	0	2	23/02/2012
79	0	0	2	06/03/2012
80	0	0	2	07/03/2012
81	0	0	2	13/03/2012
82	0	0	2	20/03/2012
83	0	0	2	23/03/2012
84	0	0	1	26/03/2012
85	0	0	2	17/01/2013
86	0	0	2	26/01/2013
87	0	0	2	14/02/2013
88	0	0	2	14/02/2013
89	0	0	2	16/02/2013
90	0	0	2	19/02/2013
91	0	0	2	21/02/2013
92	0	0	2	24/02/2013
93	0	0	2	26/02/2013
94	0	0	2	28/02/2013
95	0	0	2	01/03/2013
96	0	0	2	01/03/2013
97	0	0	2	04/03/2013
98	0	0	2	10/03/2013
99	0	0	2	10/03/2013
100	0	0	2	13/03/2013
101	0	0	2	22/03/2013
102	0	0	2	27/03/2013
103	0	0	2	05/04/2013
104	0	0	2	06/04/2013
105	0	0	2	16/01/2014
106	43	3	2	28/01/2015
107	84	47	1	15/01/2016
108	20	80	2	15/01/2016



109	13	17	1	22/01/2016
110	9	73	1	25/01/2016
111	4	88	2	25/01/2016
112	14	87	2	25/01/2016
113	35	89	2	27/01/2016
114	12	51	2	27/01/2016
115	8	19	1	28/01/2016
116	13	90	1	30/01/2016
117	10	27	2	1/02/2016
118	42	91	2	1/02/2016
119	42	58	2	1/02/2016
120	20	76	1	2/02/2016
121	13	70	2	4/02/2016
122	48	83	1	5/02/2016
123	16	46	2	6/02/2016
124	4	81	1	8/02/2016
125	48	53	2	8/02/2016
126	20	94	2	8/02/2016
127	38	24	1	9/02/2016
128	49	96	1	9/02/2016
129	10	30	2	9/02/2016
130	42	11	2	10/02/2016
131	39	97	2	12/02/2016
132	44	85	1	12/02/2016
133	5	54	2	13/02/2016
134	48	77	2	13/02/2016
135	20	25	1	14/02/2016
136	13	105	2	15/02/2016
137	15	37	1	17/02/2016
138	10	99	2	18/02/2016
139	26	98	2	18/02/2016
140	32	62	1	18/02/2016
141	48	95	1	18/02/2016
142	26	1	2	19/02/2016
143	39	21	2	19/02/2016
144	35	74	2	19/02/2016
145	38	55	1	19/02/2016
146	14	71	1	19/02/2016
147	32	7	1	20/02/2016
148	8	78	2	20/02/2016
149	9	60	2	21/02/2016
150	5	100	1	21/02/2016
151	50	52	2	22/02/2016



152	12	79	2	22/02/2016
153	4	41	1	23/02/2016
154	5	64	1	25/02/2016
155	38	67	1	26/02/2016
156	4	45	1	26/02/2016
157	50	28	1	28/02/2016
158	8	101	2	1/03/2016
159	22	61	1	1/03/2016
160	38	31	2	2/03/2016
161	49	18	1	2/03/2016
162	13	65	2	4/03/2016
163	13	23	1	6/03/2016
164	49	102	2	6/03/2016
165	9	68	1	7/03/2016
166	42	59	2	8/03/2016
167	14	2	2	8/03/2016
168	10	82	2	11/03/2016
169	12	56	2	12/03/2016
170	32	103	2	15/03/2016
171	63	104	1	16/03/2016
172	5	93	1	16/03/2016
173	9	86	2	16/03/2016
174	42	36	1	17/03/2016
175	4	29	2	20/03/2016
176	50	92	1	21/03/2016
177	12	40	2	21/03/2016
178	6	57	1	22/03/2016
179	63	33	1	24/03/2016
180	38	66	2	27/03/2016
181	9	72	2	18/04/2016
182	32	69	2	19/04/2016
183	48	75	2	19/04/2016
184	63	34	1	19/04/2016

* 1: Macho; 2: Hembra

B. Genotipos de 239 llamas crías, padres y madres del CIP Quimsachata (INIA – Puno).

N°	Arete/ID	Raza	Clase	Sexo	Fecha de nacimiento	LCA5	LCA66	LCA71	LCA77	LCA94	LCA99	YWLL36	YWLL29	YWLL40	YWLL44	LCA19	LCA8											
1	7112	Q'ara	Padre	Macho	17/01/2012	188	192	249	137	147	218	246	191	193	273	295	147	153	219	223	183	183	91	95	82	82	239	241
2	015107	Q'ara	Padre	Macho	17/01/2007	194	194	243	137	145	218	246	191	191	273	285	147	149	217	223	183	185	95	109	82	82	243	247
3	17110	Q'ara	Padre	Macho	19/01/2010	186	186	235	135	135	222	246	189	191	285	287	145	153	219	223	183	183	99	109	82	86	241	243
4	19110	Q'ara	Padre	Macho	20/01/2010	194	204	237	135	135	222	258	189	191	285	287	145	145	215	225	183	185	99	113	82	82	241	243
5	020108	Q'ara	Padre	Macho	20/01/2008	188	194	241	135	135	222	246	191	191	281	287	145	147	217	219	177	183	83	109	82	82	239	239
6	20110	Q'ara	Padre	Macho	20/01/2010	190	196	241	135	135	218	222	191	191	277	287	147	153	215	225	185	185	83	99	82	82	241	247
7	021109	Q'ara	Padre	Macho	21/01/2009	190	194	243	135	135	234	234	189	191	281	295	153	153	223	225	177	183	99	99	82	82	235	243
8	024107	Q'ara	Padre	Macho	20/01/2007	194	194	237	135	135	234	234	189	191	273	273	153	153	217	223	177	183	99	103	82	92	235	247
9	36110	Q'ara	Padre	Macho	24/01/2010	188	190	243	135	135	222	226	191	191	271	285	157	157	215	225	179	183	83	109	82	82	241	247
10	47111	Q'ara	Padre	Macho	29/01/2011	190	192	243	135	135	226	246	191	199	273	281	149	153	223	225	183	185	99	109	82	82	235	235
11	048108	Q'ara	Padre	Macho	27/01/2008	190	190	241	135	135	234	234	191	199	273	275	145	153	223	223	183	183	93	109	82	82	235	241
12	048109	Q'ara	Padre	Macho	29/01/2009	190	194	235	135	145	218	222	191	191	285	287	145	153	217	219	179	183	109	109	82	82	247	247
13	059209	Q'ara	Padre	Macho	02/02/2009	194	194	241	135	135	222	226	191	193	273	281	145	149	219	223	183	185	99	113	82	82	241	247
14	68211	Q'ara	Padre	Macho	18/01/2014	190	194	243	135	135	226	246	191	191	273	287	145	153	219	219	183	183	91	109	82	82	241	243
15	69211	Q'ara	Padre	Macho	04/02/2011	194	194	243	135	145	222	226	191	199	273	287	153	153	217	223	183	183	83	109	82	82	247	247
16	074106	Chak'u	Padre	Macho	25/01/2006	194	194	235	135	137	218	228	191	193	281	287	149	153	217	223	183	183	93	99	82	82	235	247
17	076106	Q'ara	Padre	Macho	25/01/2006	194	200	235	135	135	234	234	189	193	271	273	149	153	219	223	177	177	93	99	82	82	241	247
18	080106	Q'ara	Padre	Macho	25/01/2006	194	194	241	135	135	228	234	191	191	281	281	145	153	215	223	177	183	93	109	82	82	235	249
19	099106	Q'ara	Padre	Macho	29/01/2006	190	194	243	135	135	222	222	189	193	281	281	145	153	215	223	177	183	91	109	82	82	241	247
20	99212	Q'ara	Padre	Macho	11/02/2012	190	194	243	135	147	222	258	191	195	287	295	153	153	219	223	177	183	93	93	82	86	241	251
21	103209	Q'ara	Padre	Macho	15/02/2009	194	194	241	135	135	222	226	191	193	281	287	147	153	219	223	183	185	93	99	82	82	247	251
22	105209	Q'ara	Padre	Macho	15/02/2009	194	194	241	135	137	222	228	191	191	281	287	153	155	225	225	179	183	83	93	82	82	235	241
23	125212	Q'ara	Padre	Macho	17/02/2012	188	190	243	135	135	234	234	191	191	281	285	157	165	223	225	183	183	97	109	82	82	235	247



24	131209	Q'ara	Padre	Macho	22/02/2009	190	194	235	241	135	137	234	234	191	199	273	285	145	147	215	219	183	183	99	109	82	82	235	247
25	136208	Chaku	Padre	Macho	26/02/2008	190	192	241	243	135	147	222	246	191	191	281	281	149	153	219	219	179	183	99	109	82	82	235	241
26	140206	Q'ara	Padre	Macho	08/02/2006	190	190	241	243	135	147	234	246	191	191	279	295	147	149	219	223	177	183	93	109	82	82	235	241
27	143310	Q'ara	Padre	Macho	08/03/2010	190	194	235	241	135	137	234	238	191	191	281	293	151	165	219	219	177	185	83	99	82	82	235	235
28	154206	Q'ara	Padre	Macho	09/02/2006	190	194	237	243	135	135	222	234	189	191	277	287	145	145	215	225	183	185	91	109	82	86	241	247
29	159310	Q'ara	Padre	Macho	19/03/2010	190	194	235	241	135	137	218	222	189	191	281	295	145	147	215	225	179	179	91	95	82	82	241	241
30	171311	Q'ara	Padre	Macho	03/03/2011	190	194	241	255	135	147	230	234	191	191	281	281	147	153	215	223	183	185	99	101	82	100	241	247
31	193206	Q'ara	Padre	Macho	14/02/2006	188	190	237	237	135	137	220	222	189	191	281	285	145	145	219	219	183	183	95	99	82	82	241	241
32	211311	Q'ara	Padre	Macho	26/03/2011	192	194	241	241	135	135	222	234	191	191	269	287	153	153	215	217	183	185	99	109	82	82	241	247
33	233206	Q'ara	Padre	Macho	20/02/2006	190	190	241	241	135	135	234	234	189	191	281	281	145	153	223	225	183	183	93	109	82	82	239	241
34	239206	Q'ara	Padre	Macho	20/02/2006	194	196	237	237	135	147	218	234	189	191	281	281	145	147	215	215	183	185	95	99	82	82	247	249
35	249312	Q'ara	Padre	Macho	26/03/2012	190	194	241	241	135	135	222	234	191	191	281	281	165	165	219	219	183	185	99	103	82	82	241	247
36	255408	Q'ara	Padre	Macho	10/04/2008	190	194	237	243	135	145	228	246	189	191	281	295	145	153	217	223	177	183	109	109	82	82	241	247
37	258206	Q'ara	Padre	Macho	24/02/2006	188	194	243	243	135	135	222	222	191	191	277	281	145	153	219	225	185	185	109	109	82	86	235	241
38	289206	Q'ara	Padre	Macho	28/02/2006	190	194	243	243	135	135	226	246	191	193	269	281	147	157	225	225	179	179	83	101	82	86	241	243
39	333306	Q'ara	Padre	Macho	10/03/2006	188	190	239	241	135	135	222	254	191	191	285	285	157	157	215	225	183	185	83	109	82	82	229	243
40	1906	Q'ara	Madre	Hembra	03/05/2005	188	194	235	243	135	139	222	258	191	191	281	285	147	155	215	219	183	183	99	101	82	82	241	241
41	5110	Q'ara	Madre	Hembra	09/01/2010	188	194	237	243	137	137	218	227	189	191	281	283	145	149	215	219	183	183	99	115	82	82	241	247
42	007108	Q'ara	Madre	Hembra	13/01/2008	190	194	241	241	137	137	226	226	191	191	281	281	145	147	217	217	183	185	93	101	82	82	235	257
43	10112	Q'ara	Madre	Hembra	19/01/2012	194	202	241	243	135	137	222	226	191	191	281	287	153	153	217	225	179	183	109	109	82	82	235	247
44	11114	Q'ara	Madre	Hembra	15/01/2014	188	188	241	241	135	147	227	227	191	195	279	285	157	157	225	225	177	183	83	109	82	82	235	247
45	14112	Q'ara	Madre	Hembra	24/01/2012	186	194	237	243	135	137	222	222	189	191	281	285	145	153	215	219	179	183	95	95	82	82	235	241
46	14114	Q'ara	Madre	Hembra	16/01/2014	194	204	237	237	135	147	218	258	191	191	281	287	147	149	215	225	183	185	95	95	82	82	249	251
47	15112	Q'ara	Madre	Hembra	24/01/2012	190	194	235	235	137	147	234	246	191	195	279	285	153	153	215	219	183	185	93	97	82	94	235	243
48	19114	Q'ara	Madre	Hembra	18/01/2014	194	194	243	243	135	135	234	246	191	199	279	281	149	153	217	219	179	183	83	109	82	82	235	247
49	027108	Q'ara	Madre	Hembra	23/01/2008	190	190	241	241	135	135	222	224	191	203	281	287	147	147	215	217	183	183	95	95	82	82	241	247



50	28031	Q'ara	Madre	Hembra	22/03/2013	188	190	241	243	135	135	234	246	189	193	271	295	145	145	219	223	177	183	93	109	82	82	247
51	28112	Q'ara	Madre	Hembra	27/01/2012	188	190	241	241	135	135	222	234	189	191	281	295	145	153	219	223	183	183	109	113	82	82	243
52	29110	Q'ara	Madre	Hembra	22/01/2010	186	194	241	255	135	135	222	246	191	191	281	285	145	147	219	225	185	185	97	117	82	82	239
53	031103	Q'ara	Madre	Hembra	20/01/2003	188	194	243	243	135	135	222	234	191	191	287	295	145	149	219	223	183	183	109	113	82	82	237
54	38113	Q'ara	Madre	Hembra	17/01/2013	194	194	235	249	135	137	222	234	191	193	273	281	149	157	219	225	177	185	93	97	82	82	243
55	40112	Q'ara	Madre	Hembra	29/01/2012	188	190	243	243	135	139	222	252	191	199	279	281	149	153	225	227	179	185	109	113	82	92	235
56	43113	Q'ara	Madre	Hembra	18/01/2013	190	194	237	259	135	135	222	240	189	191	277	281	145	153	215	219	183	183	91	109	82	86	235
57	44111	Q'ara	Madre	Hembra	29/01/2011	190	194	237	241	137	137	222	226	189	191	281	281	153	165	219	223	183	183	109	109	82	82	247
58	45110	Q'ara	Madre	Hembra	26/01/2010	188	190	243	243	135	135	227	234	191	191	281	293	149	153	219	219	183	183	109	109	82	86	243
59	047108	Q'ara	Madre	Hembra	26/01/2008	188	190	241	241	135	135	222	234	191	191	287	287	145	153	217	219	183	183	99	109	82	82	241
60	51212	Q'ara	Madre	Hembra	02/02/2012	186	194	243	243	135	135	234	234	191	199	277	281	145	153	223	225	177	185	99	109	82	86	241
61	52114	Q'ara	Madre	Hembra	26/01/2014	188	192	235	243	135	137	224	234	189	191	281	281	145	147	219	223	183	183	95	113	82	82	235
62	053207	Q'ara	Madre	Hembra	01/02/2007	194	200	241	243	135	135	234	254	191	199	273	291	145	149	219	223	183	183	93	99	82	82	247
63	59212	Q'ara	Madre	Hembra	03/02/2012	190	194	241	241	135	135	234	246	189	191	281	281	153	153	219	223	183	183	83	99	82	82	241
64	60212	Q'ara	Madre	Hembra	03/02/2012	194	194	237	241	135	135	234	246	191	191	279	281	145	165	217	219	183	183	83	97	82	82	235
65	71210	Q'ara	Madre	Hembra	02/02/2010	190	194	237	243	135	135	246	246	191	191	281	287	145	153	217	219	183	185	97	109	82	82	235
66	072209	Q'ara	Madre	Hembra	05/02/2009	194	200	243	243	137	139	222	234	189	191	281	285	151	153	217	225	177	183	103	109	82	82	227
67	74210	Q'ara	Madre	Hembra	03/02/2010	190	192	241	241	135	137	218	246	191	191	273	273	147	149	215	217	183	185	91	109	82	86	239
68	075209	Q'ara	Madre	Hembra	06/02/2009	194	194	237	241	135	135	227	234	191	197	285	293	145	153	215	225	177	185	93	95	82	82	241
69	77210	Q'ara	Madre	Hembra	04/02/2010	194	202	243	243	135	137	222	227	191	191	281	285	153	153	221	225	183	185	99	99	82	86	241
70	80210	Q'ara	Madre	Hembra	04/02/2010	190	194	243	249	135	135	234	234	191	199	281	281	153	153	215	223	177	183	97	109	82	82	241
71	084208	Q'ara	Madre	Hembra	06/02/2008	188	188	241	241	135	147	222	227	191	195	279	295	149	157	215	225	183	185	103	109	82	82	235
72	84212	Q'ara	Madre	Hembra	08/02/2012	190	194	241	241	135	137	226	234	191	191	269	287	153	153	219	225	179	183	83	109	82	94	241
73	086209	Q'ara	Madre	Hembra	09/02/2009	186	190	235	235	135	135	220	258	191	199	281	281	147	147	219	219	183	183	93	95	82	82	241
74	90113	Q'ara	Madre	Hembra	26/01/2013	190	194	235	241	135	137	240	246	191	191	273	281	149	153	215	223	183	185	109	123	82	86	241
75	91210	Q'ara	Madre	Hembra	10/02/2010	190	194	235	241	135	135	222	258	191	199	277	281	145	161	219	219	179	183	91	113	82	86	235



76	95210	Q'ara	Madre	Hembra	11/02/2010	188	194	241	243	135	137	222	222	191	191	267	281	147	147	219	223	179	185	91	109	82	82	235	241
77	096208	Q'ara	Madre	Hembra	11/02/2008	194	204	243	243	135	135	246	258	191	191	279	287	145	145	217	225	183	185	97	119	82	82	243	251
78	100208	Q'ara	Madre	Hembra	14/02/2008	188	188	241	243	135	135	218	222	191	193	277	277	145	145	217	219	177	179	97	109	82	82	241	249
79	105212	Q'ara	Madre	Hembra	11/02/2012	190	190	241	241	135	135	226	252	191	203	285	285	149	153	225	225	183	185	83	93	82	82	235	241
80	109211	Q'ara	Madre	Hembra	13/02/2011	190	194	243	243	135	145	246	252	189	189	281	281	145	149	213	223	183	183	99	101	82	82	235	235
81	110208	Q'ara	Madre	Hembra	17/02/2008	188	190	241	241	135	135	222	234	191	191	281	285	147	153	215	217	177	185	95	99	82	82	235	241
82	113210	Q'ara	Madre	Hembra	22/02/2010	194	194	235	241	135	135	222	226	191	191	281	285	145	147	219	225	183	183	83	91	82	82	239	243
83	114208	Q'ara	Madre	Hembra	20/02/2008	190	194	241	241	135	135	222	222	191	191	269	287	149	153	217	219	179	185	83	109	82	86	241	249
84	116212	Q'ara	Madre	Hembra	14/02/2012	200	204	243	249	135	135	222	240	191	193	267	279	145	153	217	217	177	183	113	123	82	100	237	247
85	120212	Q'ara	Madre	Hembra	14/02/2012	186	194	241	243	135	137	226	246	191	191	281	281	147	153	219	225	183	183	91	109	82	82	235	241
86	124310	Q'ara	Madre	Hembra	01/03/2010	188	194	235	243	135	135	222	246	193	193	273	281	147	153	223	223	177	183	83	91	82	82	243	247
87	129213	Q'ara	Madre	Hembra	03/02/2013	186	190	235	249	135	135	224	234	191	191	281	281	145	149	219	219	183	183	97	99	82	82	235	243
88	133212	Q'ara	Madre	Hembra	19/02/2012	190	190	243	255	135	135	222	234	191	199	273	281	145	145	215	225	183	183	95	109	82	82	241	247
89	134310	Q'ara	Madre	Hembra	05/03/2010	190	194	243	243	137	145	222	234	189	191	281	281	145	149	217	223	177	185	109	113	82	86	229	247
90	135209	Q'ara	Madre	Hembra	23/02/2009	194	194	241	249	135	135	222	229	191	191	277	281	145	157	225	225	183	183	97	109	82	82	241	243
91	144211	Q'ara	Madre	Hembra	23/02/2011	188	202	241	249	135	137	222	227	191	191	273	285	153	171	221	225	177	183	101	101	86	106	239	243
92	151208	Q'ara	Madre	Hembra	28/02/2008	188	190	243	243	135	135	222	222	191	199	279	279	151	153	217	225	183	185	97	113	82	82	235	249
93	154212	Q'ara	Madre	Hembra	24/02/2012	186	202	243	249	135	137	224	234	189	191	281	285	145	153	215	219	183	185	95	95	82	82	235	243
94	156207	Q'ara	Madre	Hembra	19/02/2007	194	194	237	243	135	137	222	234	189	191	281	287	145	151	217	219	183	183	91	97	82	82	235	241
95	161310	Q'ara	Madre	Hembra	19/03/2010	194	194	243	243	135	137	224	226	191	191	273	281	147	147	219	219	177	179	91	109	82	82	229	241
96	164310	Q'ara	Madre	Hembra	20/03/2010	194	204	235	243	135	137	234	258	191	191	279	287	153	157	215	219	183	185	97	119	82	82	243	243
97	170308	Q'ara	Madre	Hembra	03/03/2008	194	194	243	243	135	137	227	234	191	191	281	285	153	157	219	219	183	183	109	109	82	86	235	251
98	178410	Q'ara	Madre	Hembra	03/04/2010	190	202	241	241	135	135	222	224	191	191	269	281	153	153	223	225	183	185	109	113	82	82	241	249
99	179308	Q'ara	Madre	Hembra	06/03/2008	194	194	237	241	135	135	222	234	189	193	281	287	145	145	215	223	179	183	93	99	82	82	235	241
100	186312	Q'ara	Madre	Hembra	07/03/2012	190	194	237	241	135	135	222	234	189	191	275	287	145	145	215	223	183	185	91	93	82	82	241	247
101	190203	Q'ara	Madre	Hembra	21/02/2003	190	196	237	237	135	135	234	258	191	191	281	285	153	157	215	219	183	185	113	119	82	82	237	251



102	190410	Q'ara	Madre	Hembra	15/04/2010	190	194	241	241	135	135	222	234	189	189	281	287	153	153	219	225	179	183	95	109	82	82	243	247
103	191311	Q'ara	Madre	Hembra	09/03/2011	188	194	235	241	135	135	234	246	191	191	277	281	153	153	215	217	183	183	99	109	82	82	241	257
104	200205	Q'ara	Madre	Hembra	21/02/2005	188	194	243	243	135	135	222	222	191	193	281	287	153	153	223	223	177	185	83	109	82	82	247	249
105	202311	Q'ara	Madre	Hembra	19/03/2011	188	190	241	243	135	135	227	234	189	191	273	281	145	153	215	223	177	183	83	109	82	82	243	247
106	205207	Q'ara	Madre	Hembra	28/02/2007	190	190	243	243	135	137	222	234	189	191	281	287	153	157	223	225	177	183	99	113	82	82	235	241
107	209213	Q'ara	Madre	Hembra	19/02/2013	194	194	241	241	135	135	222	226	191	193	279	287	145	149	215	223	183	183	99	109	82	82	241	241
108	210312	Q'ara	Madre	Hembra	13/03/2012	194	200	241	241	135	135	222	234	191	193	271	281	153	157	223	225	177	183	93	99	82	82	243	247
109	214308	Q'ara	Madre	Hembra	21/03/2008	186	188	241	243	135	135	222	222	191	191	281	281	145	147	217	225	183	183	99	109	82	82	239	247
110	216309	Chak'u	Madre	Hembra	14/03/2009	188	194	237	243	135	135	238	246	191	191	287	295	145	151	219	223	179	183	95	109	82	82	241	243
111	223213	Q'ara	Madre	Hembra	24/02/2013	188	190	237	241	135	135	222	234	191	193	273	287	153	153	215	225	183	185	99	109	82	86	239	243
112	230206	Q'ara	Madre	Hembra	19/02/2006	190	194	243	243	137	145	224	238	191	193	281	285	153	153	215	217	183	183	95	109	82	82	235	239
113	237312	Q'ara	Madre	Hembra	20/03/2012	190	194	241	241	135	135	234	238	191	193	281	281	145	153	217	225	183	183	93	95	82	82	239	241
114	243312	Q'ara	Madre	Hembra	23/03/2012	190	194	237	243	135	135	222	234	189	191	281	281	153	165	215	219	183	183	91	95	82	82	243	247
115	252312	Q'ara	Madre	Hembra	29/03/2012	190	194	241	241	135	135	227	234	191	191	281	293	147	153	219	225	183	185	93	95	82	86	241	243
116	260409	Q'ara	Madre	Hembra	01/04/2009	190	190	235	241	135	135	222	234	189	191	285	287	147	153	215	217	183	183	95	95	82	82	241	247
117	270409	Q'ara	Madre	Hembra	05/04/2009	190	202	241	241	135	135	220	234	191	191	273	283	147	149	217	221	183	185	93	113	82	92	235	241
118	272408	Q'ara	Madre	Hembra	19/04/2008	190	202	243	243	135	145	234	234	189	191	281	291	147	153	215	217	183	185	93	93	82	82	239	247
119	288407	Chak'u	Madre	Hembra	12/04/2007	190	194	243	255	135	135	222	234	191	191	277	281	145	157	215	225	183	183	99	109	82	82	241	241
120	101116	Q'ara	Cria	Macho	15/01/2016	194	202	241	241	135	135	220	222	191	191	281	283	147	165	219	221	183	185	93	103	82	82	235	247
121	111116	Q'ara	Cria	Hembra	15/01/2016	194	194	241	241	135	135	234	246	189	191	275	287	145	145	215	219	183	185	83	93	82	82	239	247
122	151116	Q'ara	Cria	Macho	22/01/2016	188	196	237	241	135	135	218	230	191	191	281	285	145	161	215	217	183	185	95	109	82	82	247	247
123	171116	Q'ara	Cria	Macho	25/01/2016	188	194	237	243	135	135	234	234	191	191	281	287	145	147	219	225	177	185	91	99	82	86	241	247
124	181116	Q'ara	Cria	Hembra	25/01/2016	190	200	241	241	135	135	222	234	189	191	271	281	153	153	223	223	177	185	93	93	82	82	237	241
125	201116	Q'ara	Cria	Hembra	25/01/2016	190	190	241	241	135	135	222	234	191	191	281	285	153	157	223	225	183	183	109	113	82	82	229	247
126	211116	Q'ara	Cria	Hembra	26/01/2016	188	200	241	241	135	137	222	222	191	191	273	285	153	157	223	223	183	185	95	99	82	82	247	257
127	221116	Q'ara	Cria	Hembra	26/01/2016	194	194	237	243	135	135	222	222	189	193	285	285	145	157	217	223	183	183	93	99	82	82	241	247



128	25116	Q'ara	Cria	Hembra	25/01/2016	188	194	237	243	135	137	218	234	191	193	273	287	149	153	215	183	185	109	113	82	86	241	257
129	26116	Q'ara	Cria	Hembra	27/01/2016	186	194	235	241	135	135	234	240	191	191	281	281	147	153	215	179	183	109	119	82	82	237	241
130	29116	Q'ara	Cria	Hembra	27/01/2016	190	194	235	243	137	137	222	222	191	191	279	285	145	149	225	177	185	99	109	82	82	235	247
131	30116	Q'ara	Cria	Macho	27/01/2016	194	194	243	243	135	135	234	234	189	199	277	281	145	153	215	183	183	93	109	82	82	235	243
132	33115	Q'ara	Cria	Hembra	28/01/2015	188	194	243	243	135	139	228	258	191	191	281	285	147	153	215	183	183	83	101	82	82	235	241
133	33116	Q'ara	Cria	Hembra	27/01/2016	190	194	241	243	135	135	222	234	189	191	283	295	147	153	219	177	185	99	109	82	82	235	243
134	34116	Q'ara	Cria	Macho	27/01/2016	190	192	241	249	135	135	228	250	191	193	279	281	145	145	215	183	183	109	113	82	100	235	237
135	35116	Q'ara	Cria	Hembra	27/01/2016	*	*	241	241	135	135	222	234	189	191	281	281	145	147	219	183	185	97	109	82	82	239	239
136	39116	Q'ara	Cria	Hembra	28/01/2016	186	192	235	235	135	135	220	246	191	197	285	285	147	153	217	177	183	95	99	82	82	239	243
137	40116	Q'ara	Cria	Macho	28/01/2016	190	190	241	243	137	147	226	246	191	191	279	281	145	149	217	177	185	93	93	82	82	235	257
138	44116	Q'ara	Cria	Hembra	29/01/2016	182	190	243	243	137	145	218	218	191	191	273	285	149	149	215	183	183	95	109	82	86	243	243
139	47116	Q'ara	Cria	Macho	30/01/2016	192	194	237	241	135	135	218	222	191	191	281	281	147	147	215	185	185	95	109	82	82	243	249
140	48116	Q'ara	Cria	Hembra	30/01/2016	*	*	237	243	135	135	218	222	189	191	281	281	145	147	215	179	185	93	109	82	82	247	247
141	51216	Q'ara	Cria	Hembra	01/02/2016	188	190	237	241	135	135	220	222	189	191	279	281	145	153	219	183	183	95	97	82	82	241	249
142	52216	Q'ara	Cria	Hembra	01/02/2016	194	194	241	241	135	137	222	222	189	193	271	287	147	153	217	177	183	99	103	82	92	241	247
143	53216	Q'ara	Cria	Hembra	01/02/2016	188	194	241	241	135	145	222	224	191	193	285	287	145	153	219	183	183	91	99	82	82	241	247
144	54216	Q'ara	Cria	Macho	01/02/2016	194	194	237	243	135	137	222	226	191	193	281	281	145	145	215	183	183	91	109	82	82	235	243
145	55216	Q'ara	Cria	Macho	02/02/2016	188	190	241	243	135	135	222	222	191	199	281	281	145	145	215	183	183	83	95	82	82	239	247
146	63216	Q'ara	Cria	Macho	04/02/2016	188	190	235	241	135	135	222	252	191	191	281	285	145	153	223	183	183	99	113	82	82	235	247
147	66216	Q'ara	Cria	Hembra	04/02/2016	194	196	237	241	135	147	234	246	191	191	281	281	145	153	215	183	183	95	99	82	82	241	249
148	70216	Q'ara	Cria	Macho	05/02/2016	186	190	235	237	135	135	234	246	189	191	281	287	145	165	219	183	183	95	109	82	82	243	247
149	73216	Q'ara	Cria	Macho	05/02/2016	196	204	241	241	135	135	246	258	189	197	271	285	145	149	223	183	185	109	113	82	82	243	247
150	74216	Q'ara	Cria	Hembra	06/02/2016	190	194	235	241	135	135	234	234	189	191	273	285	153	153	215	177	183	95	99	82	82	235	241
151	76216	Q'ara	Cria	Macho	07/02/2016	194	194	243	249	135	147	234	234	191	191	287	295	145	153	217	183	183	101	109	82	100	233	237
152	77216	Q'ara	Cria	Hembra	07/02/2016	188	194	241	241	135	137	224	234	193	199	273	295	145	153	215	183	183	95	115	82	82	241	241
153	79216	Q'ara	Cria	Macho	07/02/2016	190	194	241	241	135	135	228	228	191	191	281	291	153	153	223	183	185	99	109	82	82	237	247



154	81216	Q'ara	Cria	Macho	08/02/2016	194	200	235	241	135	137	226	234	191	193	271	287	153	153	223	225	177	183	93	109	82	82	241	247
155	82216	Q'ara	Cria	Hembra	08/02/2016	186	190	237	243	135	135	222	246	189	191	281	287	145	145	217	219	183	183	97	99	82	86	235	241
156	83216	Q'ara	Cria	Hembra	08/02/2016	194	194	241	243	135	135	246	258	191	191	281	285	147	153	215	217	177	183	93	109	82	86	239	241
157	86216	Q'ara	Cria	Hembra	09/02/2016	194	200	235	241	135	145	240	254	191	199	273	291	149	149	217	219	183	183	99	119	82	82	241	257
158	87216	Q'ara	Cria	Macho	09/02/2016	188	190	241	241	135	145	222	234	191	191	281	285	153	153	215	217	177	183	99	109	82	82	241	247
159	88216	Q'ara	Cria	Macho	09/02/2016	194	194	237	237	135	147	222	234	191	191	281	285	145	145	223	225	183	185	93	99	82	82	241	247
160	90216	Q'ara	Cria	Hembra	09/02/2016	190	190	237	241	135	135	220	234	189	191	281	295	145	165	219	219	183	183	95	99	82	82	235	241
161	94216	Q'ara	Cria	Hembra	10/02/2016	194	194	241	249	135	137	224	226	193	193	281	285	153	153	215	219	183	183	99	109	82	82	239	247
162	95216	Q'ara	Cria	Hembra	10/02/2016	190	190	243	243	135	145	240	246	191	191	281	281	149	153	219	225	183	183	93	101	82	82	243	255
163	99216	Q'ara	Cria	Hembra	12/02/2016	194	194	241	241	135	135	222	222	189	193	273	281	145	153	219	223	183	185	99	113	82	82	241	247
164	100216	Q'ara	Cria	Macho	12/02/2016	188	194	235	241	135	145	222	240	191	191	273	279	149	153	219	225	183	185	103	119	82	82	235	241
165	101216	Q'ara	Cria	Macho	12/02/2016	190	194	235	241	137	137	222	234	191	193	281	285	145	149	215	225	177	183	93	109	82	82	247	247
166	105216	Q'ara	Cria	Hembra	13/02/2016	194	202	241	243	135	135	228	228	191	191	281	285	145	153	215	225	183	183	93	99	82	82	249	251
167	107216	Q'ara	Cria	Hembra	13/02/2016	186	190	243	243	135	137	222	246	189	191	285	295	145	145	217	219	183	183	83	99	86	94	241	243
168	108216	Q'ara	Cria	Hembra	14/02/2016	190	194	235	241	135	135	234	246	193	199	273	285	135	147	219	223	179	183	93	101	82	86	235	243
169	110216	Q'ara	Cria	Macho	14/02/2016	190	194	237	241	135	135	222	222	191	203	271	287	147	153	217	219	179	183	83	101	82	94	239	241
170	114216	Q'ara	Cria	Hembra	15/02/2016	194	194	237	237	135	147	218	238	191	191	281	295	147	151	215	223	183	185	95	95	82	82	241	249
171	122216	Q'ara	Cria	Macho	17/02/2016	194	196	243	243	135	145	218	222	191	191	273	291	145	147	217	219	183	183	83	95	82	82	241	243
172	124216	Q'ara	Cria	Hembra	18/02/2016	188	192	237	241	135	135	220	246	189	191	281	285	145	147	219	223	183	183	95	109	82	82	241	243
173	125216	Q'ara	Cria	Hembra	18/02/2016	194	194	241	241	135	135	222	230	191	191	281	287	145	145	225	225	183	183	109	113	82	82	241	241
174	126216	Q'ara	Cria	Hembra	18/02/2016	*	*	241	241	135	137	240	246	191	191	281	281	149	161	215	219	179	183	99	109	82	100	235	235
175	129216	Q'ara	Cria	Macho	18/02/2016	194	194	243	243	135	137	234	246	189	191	281	281	145	147	217	225	183	185	91	109	82	86	235	247
176	131216	Q'ara	Cria	Macho	18/02/2016	186	194	235	243	135	145	222	228	191	191	267	287	153	153	219	223	183	185	95	109	82	86	235	243
177	133216	Q'ara	Cria	Hembra	19/02/2016	190	194	243	243	135	147	222	222	189	191	279	281	149	153	215	219	179	183	99	109	82	82	235	247
178	135216	Q'ara	Cria	Hembra	19/02/2016	190	190	235	241	135	145	222	240	191	191	281	291	147	149	215	217	177	183	101	109	82	86	241	241
179	136216	Q'ara	Cria	Hembra	19/02/2016	190	202	235	241	135	137	224	228	191	191	273	285	145	171	219	221	183	183	83	109	82	86	243	247



180	137216	Q'ara	Cria	Macho	19/02/2016	192	194	241	243	135	137	246	246	189	193	281	285	145	153	217	225	183	183	99	109	82	82	243	249
181	138216	Q'ara	Cria	Hembra	19/02/2016	188	194	241	243	135	135	226	234	191	191	273	287	149	153	217	223	183	185	109	113	82	82	247	249
182	140216	Q'ara	Cria	Hembra	19/02/2016	190	194	241	243	135	135	222	234	189	199	279	281	153	153	219	223	183	183	93	99	82	92	243	247
183	142216	Q'ara	Cria	Macho	19/02/2016	190	194	235	241	135	145	218	258	191	191	281	287	145	161	219	219	179	183	109	113	82	86	235	247
184	144216	Q'ara	Cria	Macho	19/02/2016	188	190	241	241	135	135	234	254	191	191	273	285	145	157	223	225	183	183	83	83	82	82	229	247
185	146216	Q'ara	Cria	Macho	20/02/2016	190	194	237	243	135	137	234	246	189	191	285	295	145	153	215	217	183	183	93	109	82	82	241	241
186	151216	Q'ara	Cria	Hembra	20/02/2016	*	*	243	243	137	147	234	246	191	191	271	295	147	153	219	223	177	183	97	109	82	82	235	243
187	156216	Q'ara	Cria	Macho	21/02/2016	190	194	241	241	135	135	222	234	191	191	271	285	149	157	223	225	177	185	83	99	82	82	241	247
188	158216	Q'ara	Cria	Hembra	21/02/2016	190	194	243	243	135	137	234	246	189	191	277	281	145	149	215	225	183	183	*	*	82	82	247	249
189	161216	Q'ara	Cria	Macho	21/02/2016	190	194	237	241	135	135	234	234	191	191	273	281	153	153	215	217	183	185	109	109	82	82	243	249
190	164216	Q'ara	Cria	Hembra	22/02/2016	190	196	235	241	135	135	222	222	189	191	287	287	145	153	223	225	185	185	99	109	82	82	241	249
191	166216	Q'ara	Cria	Hembra	22/02/2016	190	192	241	243	135	147	222	234	191	191	281	281	145	153	217	223	177	183	83	109	82	82	241	247
192	167216	Q'ara	Cria	Macho	23/02/2016	194	194	241	241	137	137	226	246	191	191	281	287	147	153	225	225	183	183	93	109	82	94	235	243
193	169216	Q'ara	Cria	Macho	23/02/2016	194	200	235	241	135	135	228	234	189	191	273	293	149	153	215	219	177	177	93	99	82	82	243	247
194	172216	Chak'u	Cria	Hembra	24/02/2016	190	190	243	243	135	135	222	228	191	193	273	295	149	149	217	219	183	183	101	109	82	82	235	241
195	174216	Q'ara	Cria	Macho	25/02/2016	194	204	243	243	135	135	226	234	191	191	279	281	153	153	215	217	183	183	109	119	82	82	235	243
196	176216	Q'ara	Cria	Macho	26/02/2016	190	194	241	241	135	145	218	234	189	191	287	295	153	153	219	223	179	183	109	109	82	82	243	247
197	177216	Q'ara	Cria	Macho	26/02/2016	190	200	235	243	135	135	228	234	189	199	273	279	147	149	219	219	177	183	93	99	82	82	235	241
198	180216	Q'ara	Cria	Hembra	27/02/2016	188	202	241	241	135	135	220	222	191	191	281	285	153	153	219	225	179	185	83	113	82	82	235	247
199	184216	Q'ara	Cria	Macho	28/02/2016	190	194	243	249	135	135	218	234	191	191	277	285	147	153	215	219	183	185	99	109	82	86	241	251
200	187216	Q'ara	Cria	Macho	29/02/2016	188	190	241	241	135	135	226	234	191	191	269	279	145	157	219	223	183	183	109	109	82	100	241	241
201	192316	Q'ara	Cria	Hembra	01/03/2016	190	192	235	241	135	135	222	246	189	191	285	295	145	149	219	219	177	183	109	109	82	82	235	247
202	195316	Q'ara	Cria	Macho	01/03/2016	194	196	237	243	137	147	218	226	191	191	281	281	147	147	219	225	183	183	93	99	82	82	235	247
203	196316	Q'ara	Cria	Macho	01/03/2016	188	190	235	241	135	135	234	246	193	199	273	281	153	153	223	223	183	183	83	109	82	82	241	243
204	197316	Q'ara	Cria	Hembra	02/03/2016	188	190	241	243	135	145	218	222	191	191	281	285	147	153	217	217	183	183	99	109	82	82	239	247
205	198316	Q'ara	Cria	Macho	02/03/2016	194	204	237	237	135	137	234	258	189	191	273	285	145	153	215	225	179	185	99	107	82	82	235	241



206	199316	Q'ara	Cria	Hembra	02/03/2016	*	*	243	243	135	137	226	234	191	191	285	285	153	157	215	219	177	177	93	109	82	82	241	241
207	203316	Q'ara	Cria	Macho	03/03/2016	190	194	241	243	135	137	224	246	189	199	273	285	153	153	223	223	183	185	83	99	82	82	241	247
208	204316	Q'ara	Cria	Hembra	04/03/2016	194	196	237	241	135	147	218	234	189	195	281	291	145	149	215	215	177	183	99	103	82	82	247	247
209	207316	Q'ara	Cria	Macho	05/03/2016	188	190	235	241	135	135	222	222	191	191	285	285	153	155	219	225	179	183	83	101	82	82	241	247
210	208316	Q'ara	Cria	Macho	05/03/2016	*	*	235	241	135	135	234	240	191	191	281	291	147	149	217	223	177	179	95	101	82	82	239	255
211	210316	Q'ara	Cria	Macho	06/03/2016	196	204	237	239	135	147	234	246	189	191	281	287	145	145	215	217	185	185	97	99	82	82	247	251
212	212316	Q'ara	Cria	Hembra	06/03/2016	194	204	237	255	135	135	222	258	189	189	287	295	145	153	215	219	185	185	91	113	82	86	241	241
213	213316	Q'ara	Cria	Macho	07/03/2016	190	194	237	241	135	137	222	226	189	191	277	281	145	153	223	225	183	183	109	109	82	82	241	257
214	215316	Q'ara	Cria	Hembra	08/03/2016	194	194	241	241	135	135	222	226	191	193	281	285	145	153	219	223	183	183	91	93	82	82	243	251
215	216316	Q'ara	Cria	Hembra	08/03/2016	*	*	241	243	135	135	222	222	191	193	285	287	*	*	223	225	185	185	83	109	82	82	229	247
216	223316	Q'ara	Cria	Hembra	11/03/2016	190	190	237	241	135	135	220	238	189	193	281	285	145	145	219	225	183	183	93	95	82	82	241	241
217	224316	Q'ara	Cria	Hembra	12/03/2016	190	194	241	241	135	135	222	234	191	191	267	281	145	147	223	225	179	183	109	109	82	82	239	241
218	225316	Q'ara	Cria	Hembra	15/03/2016	188	194	243	243	135	145	228	234	189	191	285	295	145	153	223	225	179	183	95	109	82	82	235	241
219	227316	Q'ara	Cria	Macho	16/03/2016	*	*	241	241	135	137	222	234	191	191	281	295	145	153	215	223	179	183	83	95	82	82	235	241
220	228316	Q'ara	Cria	Macho	16/03/2016	194	196	241	243	135	135	228	234	189	191	281	281	153	155	217	223	183	183	93	109	82	82	235	241
221	229316	Q'ara	Cria	Hembra	16/03/2016	*	*	235	237	135	135	222	240	191	191	273	287	145	149	215	225	185	185	109	109	82	86	241	241
222	230316	Q'ara	Cria	Hembra	17/03/2016	190	200	241	241	135	135	228	234	191	193	273	281	147	157	223	225	183	185	109	109	82	82	239	243
223	232316	Q'ara	Cria	Macho	17/03/2016	194	202	235	241	135	137	222	222	191	191	281	281	147	147	215	219	183	185	*	*	82	82	247	247
224	234316	Q'ara	Cria	Hembra	20/03/2016	194	200	237	241	135	135	222	234	189	193	273	281	145	149	215	219	177	183	99	99	82	82	241	241
225	236316	Q'ara	Cria	Macho	21/03/2016	188	190	237	241	135	135	218	234	191	191	279	287	147	153	215	215	185	185	99	113	82	82	239	241
226	237316	Q'ara	Cria	Hembra	21/03/2016	190	200	241	243	135	137	234	234	191	191	281	281	151	153	217	223	177	183	103	109	82	82	227	239
227	239316	Q'ara	Cria	Macho	22/03/2016	*	*	243	243	135	137	222	258	191	193	281	287	153	153	223	223	183	183	91	101	82	82	247	247
228	240316	Q'ara	Cria	Macho	24/03/2016	190	190	241	241	135	137	218	222	191	193	271	281	145	147	219	225	179	179	95	109	82	82	241	243
229	241316	Q'ara	Cria	Hembra	24/03/2016	190	194	243	243	135	135	218	254	191	191	285	287	145	157	219	225	179	183	109	109	82	82	241	247
230	242316	Q'ara	Cria	Macho	24/03/2016	188	194	241	241	135	137	222	226	191	191	281	281	147	165	223	225	179	185	109	109	82	82	241	255
231	246316	Q'ara	Cria	Hembra	27/03/2016	188	196	239	243	135	135	226	258	191	191	281	285	157	157	217	219	177	179	97	109	82	82	241	249



232	248316	Q'ara	Cria	Hembra	27/03/2016	190	202	235	241	135	145	222	222	191	191	281	287	145	153	219	223	179	183	109	109	82	82	82	247	249
233	254416	Q'ara	Cria	Hembra	04/04/2016	188	194	243	243	139	147	222	258	191	193	281	281	149	153	219	225	179	183	95	101	82	82	82	243	249
234	256416	Q'ara	Cria	Hembra	06/04/2016	190	190	235	243	135	135	230	234	191	191	281	287	145	153	219	223	183	183	95	109	82	82	82	241	247
235	259416	Q'ara	Cria	Hembra	18/04/2016	190	194	235	243	135	137	222	246	189	191	285	287	145	153	215	225	185	185	91	93	82	86	86	241	243
236	266416	Q'ara	Cria	Hembra	19/04/2016	190	194	241	241	135	135	226	234	191	191	285	287	153	153	219	225	179	183	83	83	82	94	239	241	241
237	267416	Q'ara	Cria	Hembra	19/04/2016	190	190	243	243	145	145	246	252	189	191	281	281	145	145	213	217	177	183	101	109	82	82	82	235	241
238	271416	Q'ara	Cria	Hembra	19/04/2016	186	194	241	243	135	135	222	234	189	191	281	285	145	165	219	219	183	183	97	99	82	86	86	241	243
239	272416	Q'ara	Cria	Macho	19/04/2016	190	190	235	243	135	135	218	234	191	191	281	285	145	153	215	215	179	183	95	109	82	82	82	235	241

* Locus no amplificado por baja calidad de muestra

PANEL FOTOGRAFICO



Fotografía 1.- Ingreso del CIP Quimsachata INIA – Puno.



Fotografía 2.- llamas macho (padres) y hembras (madres), del CIP Quimsachata INIA – Puno.



Fotografía 3.- Material utilizado para el muestreo de sangre y registro de llamas del CIP Quimsachata INIA – Puno.



Fotografía 4.- Empadre controlado y registro de identificación en el empadre de llamas q´ara del CIP Quimsachata INIA – Puno.



Fotografía 5.- Muestreo de sangre por punción en la vena yugular de llamas q´ara del CIP Quimsachata INIA – Puno.



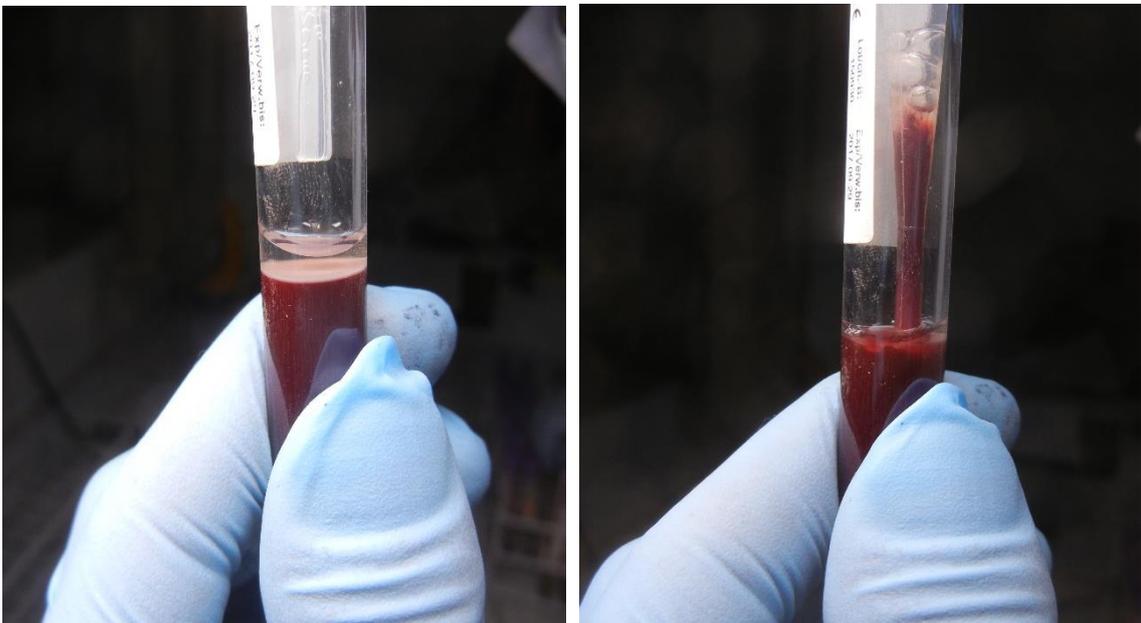
Fotografía 6.- Muestreo de sangre por punción en la vena yugular y transporte en cadena de frío hasta el área de biotecnología del CIP Quimsachata INIA – Puno.de llamas q´ara del CIP Quimsachata INIA – Puno.



Fotografía 7.- Centrifugación de sangre en el área de biotecnología del CIP Quimsachata INIA – Puno.



Fotografía 8.- Muestras de sangre entera (izquierda), y centrifugada (derecha) en el área de biotecnología del CIP Quimsachata INIA – Puno.



Fotografía 9.- Muestras de sangre centrifugada (izquierda), donde se muestra en color blanco la capa de células blancas, y (derecha) extracción de la capa de células blancas con pipetas desechables, en el área de biotecnología del CIP Quimsachata INIA – Puno.



Fotografía 10.- Extracción de la capa de células Blanca (Buffy coat) de las muestras de sangre y en el área de biotecnología del CIP Quimsachata INIA – Puno.



Fotografía 11.- Muestra de Células blancas (buffy coat) de sangre de llama q´ara del CIP Quimsachata INIA – Puno, congeladas para el envío al laboratorio de Biología Molecular de la Universidad Peruana Cayetano Heredia.