



P A C O M A R C A

S U S T A I N A B L E A L P A C A N E T W O R K

Alan Cruz

Estación Científica PACOMARCA



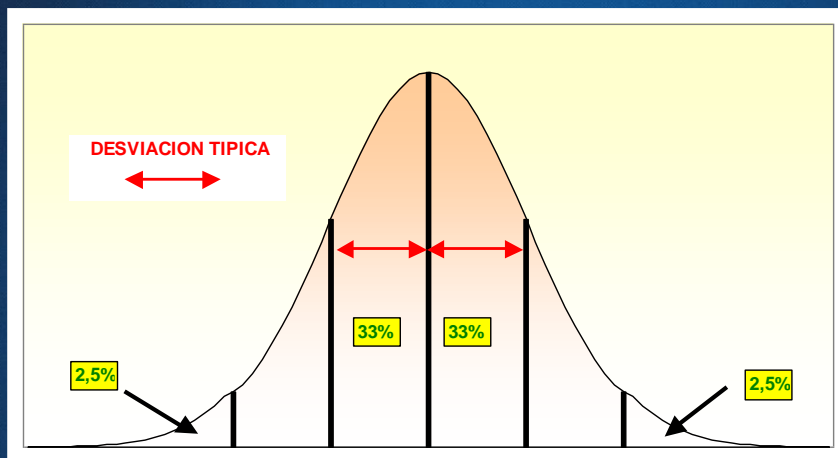
Objetivo:

PRODUCIR FIBRA TEXTIL FINA Y SIN PICOR



Consideración 1:

Cómo se mejora un carácter?



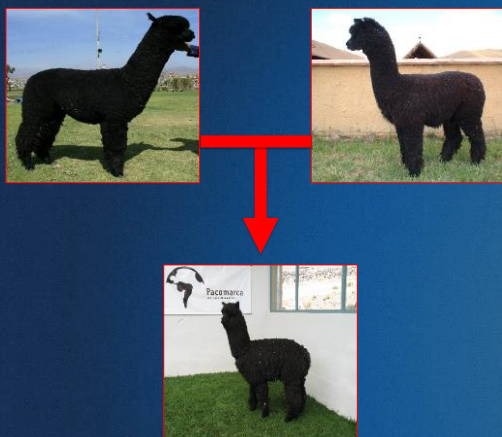
Consideración 2:

Intervalo Generacional

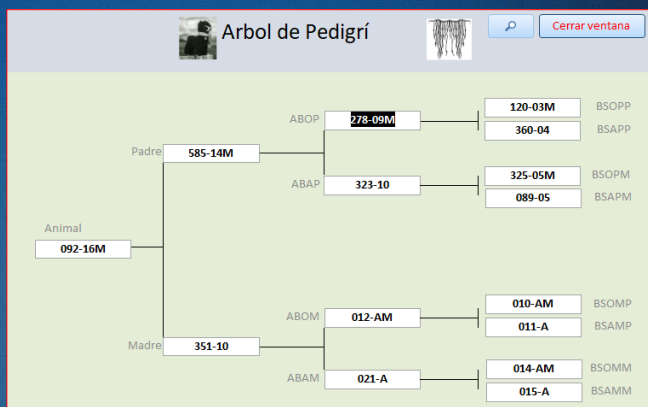
Generation Intervals				
	N	INTERVAL	Stand Dev	Standar Error of mean
Father-Son	184	5.8079	1.9855	± 0.1464
Father-Daughter	1174	6.3709	2.3308	± 0.0680
Mother-Son	191	7.3134	3.1705	± 0.2294
Mother-Daughter	1247	7.2982	3.1910	± 0.0904
TOTAL	2796	6.8118	2.8340	± 0.0536

¿QUE DEBO REGISTRAR?

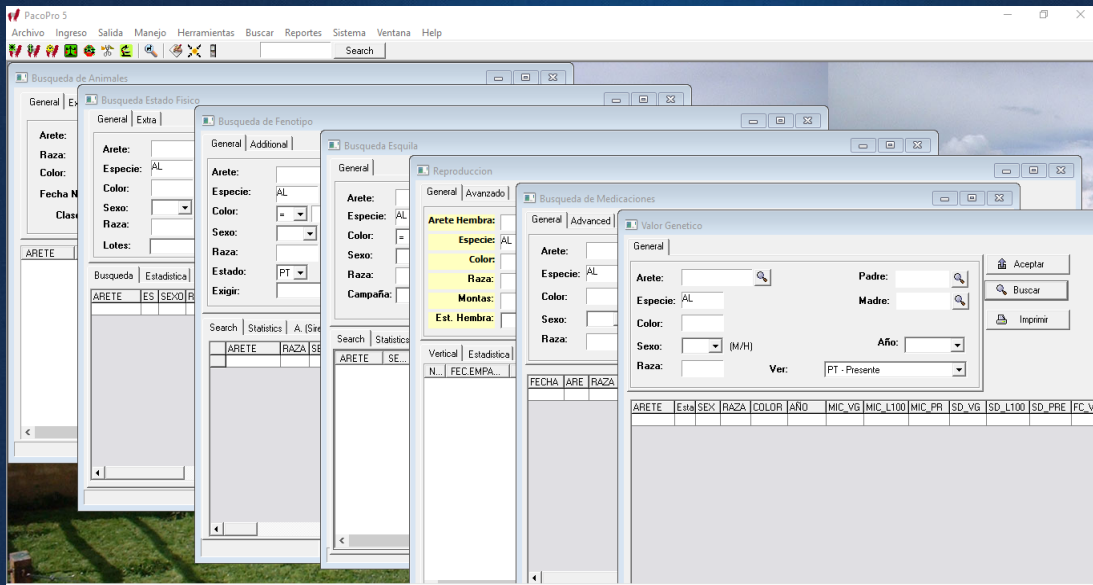
Genealogía



Pedigrí



PacoPro v5.10

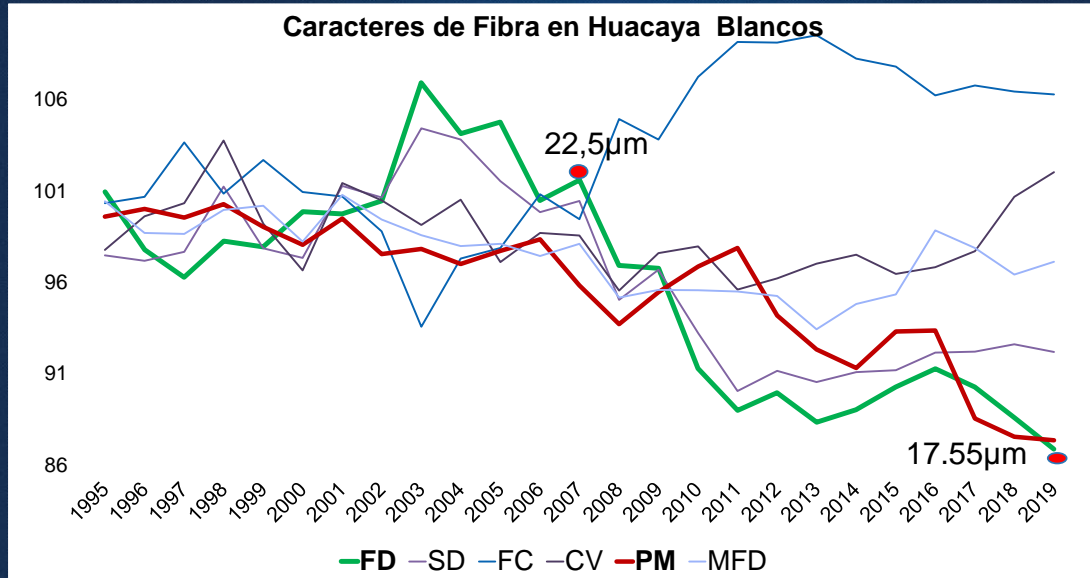


REPRODUCCIÓN

Utilizar los valores genéticos en la SELECCIÓN



Tendencias genéticas



Registros Genealógicos y Productivos

Permiten desarrollar **propuestas e investigación**

Revista peruana de biología 28(1): e19742 (2021)
doi: <http://dx.doi.org/10.15381/rpb.v28i1.19742>
ISSN-L 1561-0837; eISSN: 1727-9953
Universidad Nacional Mayor de San Marcos

TRABAJOS ORIGINALES

Presentado: 28/05/2020
Aceptado: 14/01/2021
Publicado online: 25/02/2021
Editor: Rina Ramirez

Autores

Rubén Pinares* 1, 8
zoover_p@hotmail.com
<https://orcid.org/0000-0002-9033-7736>

Alan Cruz 1, 2
alancruz@outlook.com
<https://orcid.org/0000-0002-9462-4886>

Maria Silvana Daverio 3, 4,
m.sil.daverio@outlook.com

Juan Pablo Gutiérrez 5
jgut@vet.ucm.es
<https://orcid.org/0000-0001-8514-4158>

Federico Abel Ponce de León 6
fab@um.edu
<https://orcid.org/0000-0001-8645-553X>

Maria Würzinger 1, 7
maria.wuerzinger@boku.ac.at
<https://orcid.org/0000-0001-9391-014X>

Florencia Di Rocco 3
fdrocco@mblic.gov.ar

Gustavo Augusto Gutiérrez 1

Polimorfismos de nucleótido simple (PNSs) del gen *MC1R* en alpacas negras y marrones

Single nucleotide polymorphisms (SNPs) of the *MC1R* gene in black and brown alpacas

Resumen

En alpacas los fenotipos del color de vellón tienen diferentes terminologías que induce a una confusión dentro del color marrón y sus tonalidades, el que requiere de una mejor descripción y cuantificación. En consecuencia los objetivos del estudio fueron cuantificar el color de fibra e identificar los PNSs informativos del gen *MC1R* (receptor 1 de melanocortina) en alpacas marrones y negras. Un fenotipo vicuña (n=14) y cuatro fenotipos de alpacas (n=79): marrón claro, marrón oscuro, marrón-negro y negro fueron evaluados por colorimetría. El vellón de vicuña mostró mayor luminosidad (47.74) e intensidad de color (24.33) respecto a las alpacas marrones. Los valores obtenidos de $CIE L^*a^*b^*$ (luminosidad e intensidad) sugieren valores bajos en alpacas esmelánicas y altos en alpacas neomelánicas. En vicuña y alpaca la secuencia codificante del gen *MC1R* tiene un solo exón de 954 pb, las vicuñas no mostraron la delección (c.224_227del). Sin embargo, esta delección se ha observado en los tres fenotipos de alpaca (marrón claro, marrón oscuro y negro), el igual que los cinco PNSs no sinónimos que ya fueron descritos en otras poblaciones, c.82A>G, c.259G>A, c.376G>A, c.587T>C, c.901C>T (p.T28A, p.M87V, p.G126S, p.F196S y p.R301C). Para las dos especies, se identificaron un total de ocho haplotipos definidos por los cinco PNSs. No se observaron asociaciones entre los fenotipos de color y los PNSs: c.259G>A, c.376G>A y c.901C>T (p<0.05), probablemente debido a la influencia de otros genes como el *ASIP* en la expresión del color. Nuestros resultados, así como los estudios previos evidenciaron regiones altamente conservadas en la secuencia codificante del gen *MC1R*.

Abstract

genes



Article

Development of a 76k Alpaca (*Vicugna pacos*) Single Nucleotide Polymorphisms (SNPs) Microarray

Marcos Calderon^{1,2}, Manuel J. More¹, Gustavo A. Gutiérrez¹ and F. Abel Ponce de León^{3,4}*

¹ Facultad de Zootecnia, Universidad Nacional Agraria La Molina, Lima 15024, Peru; mcalderon.montes@gmail.com (M.C.); mmoremontoya@gmail.com (M.J.M.); gustavog@lamolina.edu.pe (G.A.G.)

² Escuela de Formación Profesional de Zootecnia, Facultad de Ciencias Agropecuarias, Universidad Nacional Daniel Alcides Carrón, Cerro de Pasco 19001, Peru

³ Department of Animal Science, University of Minnesota, Minneapolis, MN 55108, USA

* Correspondence: ap@umn.edu; Tel.: 1-612-419-7870

Abstract: Small farm producers' sustenance depends on their alpaca herds and the production of fiber. Genetic improvement of fiber characteristics would increase their economic benefits and quality of life. The incorporation of molecular marker technology could overcome current limitations for the implementation of genetic improvement programs. Hence, the aim of this project was the generation of an alpaca single nucleotide polymorphism (SNP) microarray. A sample of 150 Huacaya alpacas from four farms, two each in Puno and Cerro de Pasco were used for SNP discovery by genotyping by sequencing (GBS). Reduced representation libraries, two per animal, were produced after DNA digestion with ApeKI and double digestion with PstI-MspI. Ten alpaca genomes, sequenced at depths between 12x to 30x, and the VicPac3.1 reference genome were used for read

PacoPro

Gestión del rebaño
Registros de genealogía
Registros de producción

Alpacas



Llamas



GRACIAS
Alan Cruz