

## Esquema de reproductores macho de referencia para un núcleo genético disperso de alpacas (*Vicugna pacos*) Huacaya en la región Pasco, Perú

SIRE REFERENCING SCHEME FOR A DISPERSED GENETIC NUCLEUS OF ALPACAS (*Vicugna pacos*) HUACAYA IN THE PASCO REGION, PERU

Eliet Amanca H.<sup>1,4</sup>, Jorge Calderón V.<sup>1</sup>, Vanerlei Roso M.<sup>2</sup>, Jorge Mendoza D.<sup>3</sup>, Gustavo Gutiérrez R.<sup>1</sup>

### RESUMEN

Los rebaños de alpacas en la Región Pasco del Perú presentan escasos vínculos genéticos conocidos, de allí que el mérito genético de los reproductores de los rebaños no pueda ser comparado, ya que los efectos ambientales pueden enmascarar la diferencia genética entre ellos. El propósito del presente estudio fue evaluar un esquema de reproductores macho de referencia para un núcleo genético disperso de alpacas Huacaya en la región Pasco. Se recopiló información para evaluar la capacidad organizacional de los productores y caracterizar la distribución poblacional de seis rebaños en el año 2016. Se calculó el tamaño del núcleo en base a la necesidad de reemplazo anual de reproductores machos en la majada. Se simularon genealogías para tres esquemas de reproductores macho de referencia (EMR) con 3, 6 y 9 machos, que empadraron al 10, 20 y 30% de hembras en el núcleo respectivo en cada generación. Los grupos contemporáneos (GC) fueron definidos por rebaño-año durante tres generaciones. Finalmente, se calculó el grado del vínculo genético utilizando el método de número total de lazos genéticos directos (LGD) entre GC. Se encontró que los rebaños evaluados poseen una estructura genética central y abierta, que mantienen un bajo flujo de animales entre plantel y majada.

<sup>1</sup> Departamento Académico de Producción Animal, Universidad Nacional Agraria la Molina (UNALM), Lima, Perú

<sup>2</sup> GenSys Consultorios Asociados, Porto Alegre, Brasil

<sup>3</sup> Facultades y Programas de Investigación, Universidad Nacional Agraria la Molina, Lima, Perú

<sup>4</sup> E-mail: amancah.08@gmail.com

Fuente financiera: CONCYTEC y Proyecto VLIR - UNALM «Mejorando los sistemas de producción de alpacas en pastizales en la sierra central del Perú»

Recibido: 1 de febrero de 2018

Aceptado para publicación: 30 de junio de 2018

El tamaño mínimo del núcleo genético disperso fue de 747 hembras y 41 machos. Se reportó en los tres escenarios de EMR simulados en el núcleo genético disperso un alto grado de vínculo genético en tres generaciones, que varió entre 98.20 y 100% de LGD.

**Palabras clave:** alpaca; macho referencia; núcleo disperso; vínculo genético

## ABSTRACT

The alpaca herds in Pasco region, Peru, have few known genetic links, so the breeding value of sires from different herds cannot be compared since environmental effects can mask the genetic differences among them. The aim of the study was to evaluate a sire referencing scheme for a dispersed genetic nucleus of Huacaya alpacas in Pasco. Data was collected to evaluate the organizational capacity of the breeders and characterize the population structure of six herds belonging to the nucleus in 2016. The size of the nucleus was calculated based on the need for annual replacement of sires. The genealogy was simulated for three scenarios of sire reference schemes (SRS) with 3, 6 and 9 males mating 10, 20 and 30% of dams in the nucleus per generation respectively. The contemporary groups (CG) were determined by herd-year for three generations. Finally, the degree of the genetic link was calculated using the method of total number of direct genetic links (TDGL) among CG. Results showed that the evaluated herds have a central and open genetic structure, with a low flow of animals between the nucleus and the based group. The minimum size of the dispersed genetic nucleus was 747 dams and 41 males. The three SRS scenarios in the dispersed genetic nucleus showed a high degree of genetic link in three generations, ranged from 98.20 to 100% of TDGL.

**Key words:** alpaca; sire reference; dispersed nucleus; genetic link

## INTRODUCCIÓN

Los sistemas de crianza de alpaca se caracterizan por poseer rebaños con pocos animales y con modalidades de crianza independiente de otros rebaños, lo cual causa una rápida disminución de su variabilidad genética, si no se recurre a la adquisición de machos fuera del rebaño. Sin embargo, el productor se enfrenta a la incertidumbre sobre el mérito genético de dichos animales, de sus características productivas de importancia, y de no poder comparar con los animales de su propio rebaño, debido a que se encuentran genéticamente desvinculados o mantienen un débil vínculo, donde los efectos ambientales pueden enmascarar la diferencia genética de los animales (Lewis y Simm, 2000; Kuehn, *et al.* 2007; Haile *et al.*, 2011).

Establecer el vínculo genético entre rebaños permite realizar comparaciones entre los animales que lo conforman (Lewis y Simm, 2000). Sin embargo, la exactitud de las comparaciones depende del grado de vínculo genético entre los grupos en evaluación (Roso *et al.*, 2004). Por esta razón, una metodología para crear vínculo genético en rebaño de ovinos bastante utilizada es el esquema reproductor macho de referencia, que consiste en el uso compartido de ciertos machos (Roden, 1996). El esquema de reproductores macho de referencia, con el uso amplio de inseminación artificial podría crear altos grados de vínculos entre los rebaños (Simm *et al.*, 2001).

El objetivo del presente estudio fue estructurar un esquema de machos de referencia para un núcleo genético disperso de

alpacas Huacaya, en seis rebaños de sistemas semi-tecnificados y con monta natural en la región Pasco, Perú. Los objetivos específicos fueron; i) describir la estructura genética de los rebaños; ii) calcular el tamaño del núcleo; y iii) simular el esquema de reproductores machos de referencia para obtener un alto grado de vínculo genético en el núcleo disperso.

## MATERIALES Y MÉTODOS

### Localidad y Animales

Se evaluaron seis rebaños de alpacas pertenecientes a la Cooperativa Comunal de San Pedro de Racco ( $R_1$ ), Empresa Ganadería y Comercio del Centro SRL ( $R_2$ ), Granja Comunal de Huayllay ( $R_3$ ), Cooperativa Comunal Yurajhuanca ( $R_4$ ), Asociación Pecuaria Janampa Sanjo ( $R_5$ ) y Asociación de Ganaderos Hermanos Tufino Cachipampa ( $R_6$ ), ubicados en la región Pasco, Perú entre 4000 y 5000 msnm.

Se utilizó información proveniente de registros de 7038 hembras y 1815 machos alpacas Huacaya, según inventario y planilla de octubre de 2016. Los rebaños evaluados forman parte del Proyecto ‘Mejorando los sistemas de producción de alpacas en pastizales en la sierra central del Perú’, ejecutado por la Universidad Nacional Agraria la Molina en cooperación con el Concejo de Universidades Flamencas (VLIR) desde 2011. El trabajo consistió en tres etapas: descripción de la estructura genética de los rebaños evaluados, cálculo del tamaño de núcleo para la estructura por núcleo genético disperso y simulación estocástica de genealogía para escenarios de esquema reproductores macho de referencia y, finalmente, el cálculo del grado de vínculo genético generado en dichos escenarios.

### Estructura Genética de los Rebaños

Se realizaron tres visitas a cada establecimiento para realizar las entrevistas al encargado del rebaño, observar el manejo del sistema y conversar con los representantes del proyecto VLIR. La estructura organizacional de los rebaños fue descrita según los siguientes criterios: capacidad organizacional, toma de decisiones, recursos económicos, poder adquisitivo, infraestructura y manejo. Para el caso de este último se consideró la alimentación, empadre controlado, destete, selección y esquila, los cuales fueron calificados de malos a muy buenos. Los criterios considerados para la calificación se muestran en el Cuadro 1 y fueron derivados de estudios realizados por Barrantes (2012) y Ruiz *et al.* (2015) para la caracterización de sistemas de producción pecuaria en la región Pasco.

La población del estrato superior, denominado plantel, fue clasificada según edad en DL (<1 año), 2D (2-3 años), 4D (3-4 años) y BLL (>4 años), sexo y clase. Para las clases se tuvieron los siguientes grupos:

- *Clase S*: Clase Súper. Libres de defectos congénitos, poseen excelente conformación y uniformidad de rizos en los puntos de visualización paleta, costillar medio y muslo, densa, excelente finura, sin canas, color blanco entero;
- *Clase A*: Libre de defecto congénito, poseen buena conformación, pero menor que la clase S, buena uniformidad en los puntos de visualización paleta, costillar medio y muslo, buena densidad, buena finura, sin canas, color blanco entero;
- *Clase B*: Libre de defectos congénitos, tienen una conformación regular menor que la A, menor densidad, son de color blanco entero, poseen canas casi invisibles, uniformidad del vellón, rizos y diámetro de fibra menos uniformes;

- *Clase C*: Libre de defectos congénitos, color blanco entero, mayor diámetro de fibra que las clases anteriores, menor densidad al tacto. En el caso de hembras son colocadas en el estrato de núcleo, pero en el caso de machos son llevados a la majada;
- *Clase R*: Animales de rechazo, con defectos congénitos, vellón manchado, mala conformación, fibra demasiado gruesa y canosa;
- *Clase RV*: Animales de rechazo por vejez.

La población de la majada fue descrita según edad y sexo, considerándose el total de animales reproductores registrados en las planillas mensuales menos los animales in-

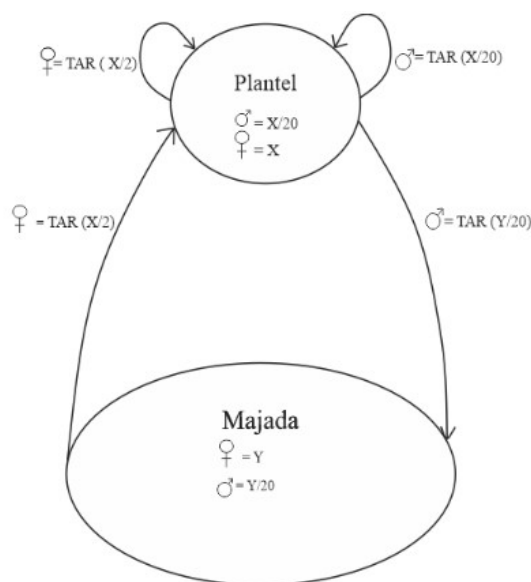


Figura 1. Estructura del flujo de animales de un rebaño evaluado. X: hembras en el plantel; Y: hembras en la majada; TAR: tasa anual de reemplazo

ventariados en el plantel. El flujo de animales se obtuvo de los registros de cada rebaño, de los traslados de reproductores entre estratos en cada rebaño y los registrados del ingreso de otros rebaños.

### Cálculo del Tamaño de Núcleo

Con los datos previos se realizó el cálculo del número de reproductoras hembras en el plantel (X) con base al número de hembras en la majada (Y) (Figura 1). Se hicieron los siguientes pasos:

*Paso 1:* Y, indica el número de hembras en la majada (la relación macho-hembra en este estrato se mantiene en 1/20), y TAR corresponde a la tasa anual de reemplazo. Los machos mejorados de la majada son provenientes del plantel y se calcula por:

$$\text{Machos}_{p-m} = \frac{Y}{20} \times \text{TAR}_{\sigma}$$

*Paso 2:* El valor de X en cada rebaño se halló según a la necesidad de reemplazo de hembras y machos en el mismo plantel y machos en la majada. La proporción de selección (PS) fue considerada entre 70 y 90%. Además, se consideró la tasa de natalidad (TN) y de mortalidad (Mo). Este cálculo se realizó con el uso del Excel, modificado de Haile *et al* (2011) y Mueller (2013).

$$X_p = \frac{20 \times \text{TAR}_{\sigma} \left( \frac{Y}{20} \right)}{\text{PS} \times \text{TN} \times \text{Mo} \times 20 - \text{TAR}_{\sigma} - \text{TAR}_{\sigma}}$$

*Paso 3:* El número total de hembras en el núcleo, se obtuvo de la suma de los valores X calculados de los seis rebaños. Se incluyó en la fórmula de reemplazo de animales machos y hembras para obtener la cantidad de animales requeridos para el tamaño de majada.

$$\text{TAR} = \frac{\left[ (\text{IEP} \times \text{EPP}) \left( 1 + \frac{\text{M}_0\text{C}}{100} \right) \left( 1 + \frac{\text{M}_0\text{A}}{100} \right) \right]}{\text{ED} \times 365}$$

El porcentaje de natalidad bruta (TN) de 52% para R<sub>1</sub>, R<sub>2</sub>, R<sub>3</sub> y R<sub>4</sub> y de 37% para R<sub>5</sub> y R<sub>6</sub>, así como el 5% de mortalidad (Mo) fueron obtenidos de Ruiz *et al.* (2015), mientras que 37% en hembras y 44% en machos

Cuadro 1. Criterios para la calificación organizacional de los propietarios de los rebaños evaluados en la región Pasco

Criterios	Descripción	Calificación
Capacidad organizacional	Asistencia a reuniones, participación activa, planificación de todas las actividades y cumplimiento de las mismas	Muy bueno
	Asistencia a reuniones, planifican algunas actividades	Bueno
	Asistencia a algunas reuniones. No planifican	Regular
	No planifican actividades. Tampoco asisten a reuniones convocadas	Malo
Toma de decisiones	Son tomadas por el administrador pecuario	Bueno
	Son tomadas por la asamblea	Regular
Recursos económicos	Disponibilidad de recursos para inversión en la producción	Bueno
	No disponen de recursos para inversión en la producción	Regular
Poder adquisitivo	Facilidad para la adquisición de materiales necesarios	Bueno
	Demora para la adquisición de materiales necesarios	Regular
Infraestructura	Poseen cercos de clausura, playa de esquila, manga, cercos de empadre	Bueno
	Poseen cercos de clausura, playa de esquila, cercos de empadre	Regular
	Poseen cercos de clausura, poseen área adecuado para esquila	Malo
Manejo en actividades (esquila, destete, manejo de registros)	Son realizadas por el administrador y operarios conocedores de la producción	Bueno
	Son realizadas por la junta directiva y rara vez por el administrador	Regular
	Son realizadas por la junta directiva	Malo

Cuadro 2. Alpacas hembras empadradas y crías efectivas por tres machos de uso común en el núcleo genético disperso

Plantel	Macho de referencia	Hembras empadradas (n)							Progenie efectiva (n)						
		P <sub>1</sub>	P <sub>2</sub>	P <sub>3</sub>	P <sub>4</sub>	P <sub>5</sub>	P <sub>6</sub>	Total	P <sub>1</sub>	P <sub>2</sub>	P <sub>3</sub>	P <sub>4</sub>	P <sub>5</sub>	P <sub>6</sub>	Total
P <sub>1</sub>	RM000A	7	-	-	7	6	-	20	2	-	-	1	1	-	4
P <sub>2</sub>	GM000B	7	7	6	-	-	-	20	1	1	1	-	-	-	3
P <sub>6</sub>	CM000C	-	10	-	-	-	10	20	-	2	-	-	-	1	3
Total		14	17	6	7	6	10	60	3	3	1	1	1	1	10

de tasa anual de reemplazo (TAR) fue calculado siguiendo la metodología planteada por Gonzáles *et al.* (2002).

donde IEP: Intervalo entre partos (se consideró 365); EPP: Edad al primer parto (3 años en machos, ya que en los machos inician la actividad reproductiva a los 2 años, previa revisión de la liberación pene-prepucio, de modo que al siguiente año ya se cuenta con sus progenies y 2 años en hembras para  $R_1$ ,  $R_2$ ,  $R_3$  y  $R_4$ , y 3 años en hembras para  $R_5$  y  $R_6$ );  $M_0C$  y  $M_0A$ : Mortalidad de crías y mortalidad de adultos (se consideró 5%); ED: Edad al descarte (10 años en machos y 8 años en hembras para  $R_1$ ,  $R_2$ ,  $R_3$  y  $R_4$ , y 9 años para  $R_5$  y  $R_6$ , dado que ingresaron en forma tardía a la edad reproductiva).

### Esquema de Reproductor Machos de Referencia

El tamaño de núcleo obtenido sirvió de referencia para la simulación estocástica de datos de genealogía por tres generaciones de alpacas con el uso compartido de machos en común por los seis rebaños evaluados. Se realizó con tres escenarios de esquemas de reproductores macho de referencia (EMR), para lo cual se usó el lenguaje computacional FORTRAN 95.

Los escenarios fueron de 3, 6 y 9 reproductores machos de referencia que empadronaron al 10, 20 y 30%, respectivamente, de hembras del núcleo genético disperso (Figura 2). La relación macho hembra fue 1/20. La cantidad de progenies efectivas se presenta en los cuadros 2, 3 y 4. Los machos de referencia que llegaron a la selección fueron asumidos según los parámetros mostrados en la Figura 3 (Quispe, 2010).

Por lo tanto, cada escenario de EMR fue simulado según a la cantidad de hembras y progenies mostrados en los cuadros 2 al 4. Los reproductores machos de referencia poseen un código asignado como CM0000A: C (Rebaño), M (Sexo), 0 (Año); 00A (número del animal, alfanumérico).

Finalmente, se calculó el grado de vínculo genético en los tres escenarios de EMR. Para un tema de comparación se identificaron los grupos contemporáneos (GC) agrupados por rebaño-año en los datos simulados. Los 18 GC eran animales sometidos a las mismas condiciones de medio ambiente, y se utilizaron para registros de genealogía por las tres generaciones

El análisis del grado del vínculo genético entre GC se realizó por el método de número total de lazos genéticos directos (LGD) entre grupos contemporáneos. Se utilizó el software *AMC-A Computer Program to Assess the Degree of Connectedness Among Contemporary Groups* (Roso y Schenkel, 2006).

## RESULTADOS

### Estructura Genética de los Rebaños

El Cuadro 5 muestra las características distintivas de la estructura organizacional de los propietarios de los seis rebaños de alpacas. La empresa individual y las cooperativas comunales presentaron las calificaciones superiores. Además, se resalta los criterios más importantes para la planificación de la estructura genética en los programas de mejoramiento genético, que son la capacidad organizacional y el manejo de la crianza, ya que en todos los rebaños fueron calificadas de regular a muy buena.

Los rebaños evaluados están formados por dos estratos: un estrato plantel con animales de calidad superior y otra denominada majada. El estrato plantel de todos los rebaños está compuesto por alpacas hembras y machos con edades de dientes deciduos (DL), 2D, 4D y boca llena (BLL), que a su vez hacen el núcleo de la estructura genético disperso. La distribución de las alpacas dentro de los planteles, por sexo y por edad, se presenta en el Cuadro 6, donde se observa la gran proporción de hembras y machos con edad de BLL.

Cuadro 3. Alpacas hembras empadradas y crías efectivas por seis machos de uso común en el núcleo genético disperso

Plantel	Macho de referencia	Hembras empadradas (n)							Progenie efectiva (n)						
		P <sub>1</sub>	P <sub>2</sub>	P <sub>3</sub>	P <sub>4</sub>	P <sub>5</sub>	P <sub>6</sub>	Total	P <sub>1</sub>	P <sub>2</sub>	P <sub>3</sub>	P <sub>4</sub>	P <sub>5</sub>	P <sub>6</sub>	Total
P <sub>1</sub>	RM000A	10	-	-	10	-	-	20	2	-	-	-	-	-	2
	RM000F	10	10	-	-	-	-	20	1	1	-	-	-	-	2
P <sub>2</sub>	GM000B	6	7	7	-	-	-	20	1	1	1	-	-	-	3
	GM000C	-	10	-	10	-	-	20	-	1	-	1	-	-	2
P <sub>3</sub>	HM000E	-	-	10	-	-	10	20	-	-	2	-	-	1	3
P <sub>4</sub>	YM000D	-	-	-	6	7	7	20	-	-	-	1	1	1	3
Total		26	27	17	26	7	17	120	4	3	3	2	1	2	15

Cuadro 4. Alpacas hembras empadradas y crías efectivas por nueve machos de uso común en el núcleo genético disperso

Plantel	Macho de referencia	Hembras empadradas (n)							Progenie efectiva (n)						
		P <sub>1</sub>	P <sub>2</sub>	P <sub>3</sub>	P <sub>4</sub>	P <sub>5</sub>	P <sub>6</sub>	Total	P <sub>1</sub>	P <sub>2</sub>	P <sub>3</sub>	P <sub>4</sub>	P <sub>5</sub>	P <sub>6</sub>	Total
P <sub>1</sub>	RM000A	10	-	-	10	-	-	20	2	-	-	1	-	-	2
	RM000F	10	10	-	-	-	-	20	1	1	-	-	-	-	2
P <sub>2</sub>	GM000B	10	10	-	-	-	-	20	2	1	-	-	-	-	3
	GM000C	-	10	10	-	-	-	20	-	1	1	-	-	-	2
P <sub>3</sub>	HM000E	-	-	10	-	-	10	20	-	-	2	-	-	1	3
	HM000H	-	-	10	10	-	-	20	-	-	1	1	-	-	2
P <sub>4</sub>	YM000D	-	-	-	10	10	-	20	-	-	-	2	2	-	4
	YM000G	-	-	10	10	-	-	20	-	-	3	2	-	-	5
P <sub>5</sub>	SM000J	-	-	-	-	12	8	20	-	-	-	-	1	1	2
Total		30	30	40	40	20	20	180	5	3	7	5	3	2	25

Cuadro 5. Características organizacionales de seis rebaños de alpacas de la región Pasco, Perú (2016)

Criterios	Cooperativas comunales (R <sub>1</sub> y R <sub>4</sub> )	Granjas comunales (R <sub>3</sub> )	Asociaciones comunales (R <sub>5</sub> y R <sub>6</sub> )	Empresas individuales (R <sub>2</sub> )
Capacidad organizacional	Bueno	Regular	Regular	Muy bueno
Toma de decisiones	Bueno	Regular	Regular	Bueno
Recursos económicos	Bueno	Bueno	Bajo	Bueno
Poder adquisitivo	Alto	Regular	Bajo	Alto
Infraestructura	Bueno	Regular	Mala	Bueno
Manejo	Muy bueno	Bueno	Regular	Muy bueno

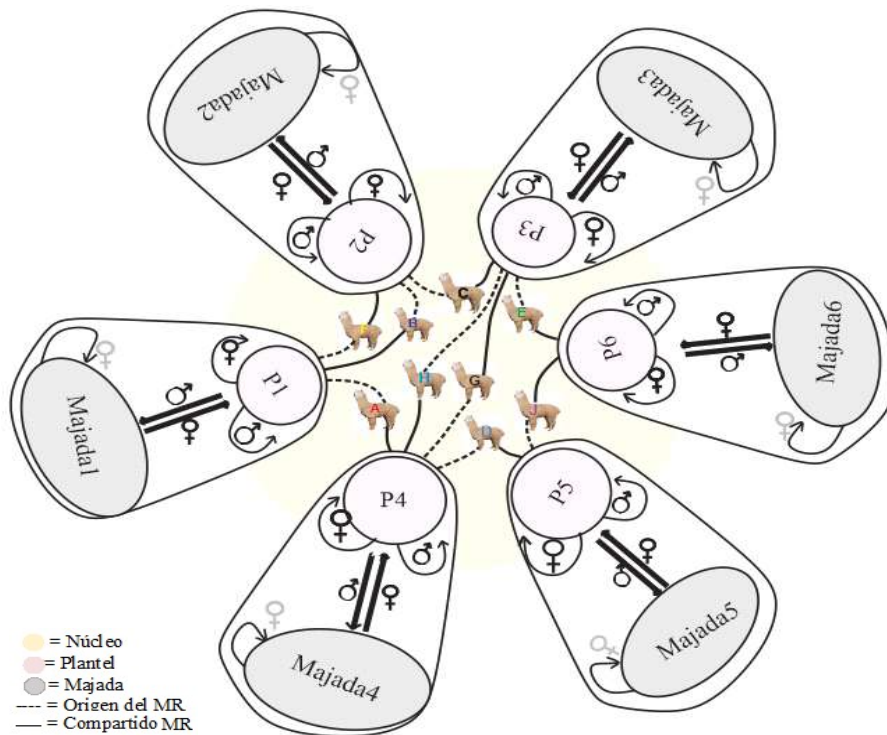


Figura 2. Esquema para reproductor de referencia con nueve machos alpaca que empadran al 30% de hembras del núcleo genético. MR = machos de referencia

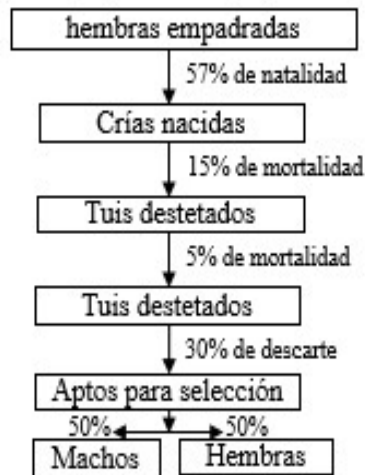


Figura 3. Escalamiento para la obtención del número de progenies efectivos

Los planteles están conformados por alpacas clasificadas, según evaluación visual en: Clase S, Clase A, Clase B y Clase C, lo cual está relacionado a la finura de fibra y

peso de vellón, así como a la apariencia general del animal.

El número de alpacas en los planteles, según el inventario, fueron de 720 hembras seleccionadas para reproducción y 120 machos distribuidas en las clases S, A, B y C. No fueron inventariados como reproductores las alpacas de la clase R (rechazo) por no cumplir con los estándares mínimos para pertenecer al plantel; así mismo, los de la clase RV son alpacas que ya cumplieron su vida reproductiva.

En la Figura 4 se presentan los porcentajes de alpacas existentes en el núcleo por clase, donde el 2.4% de hembras y el 2.5% de los machos pertenecen a la clase S, y el 17.5% de hembras y 10.7% de machos son de la clase A. Además, se muestra que la clase B tiene la mayor población de los dos sexos, seguido de la clase C.



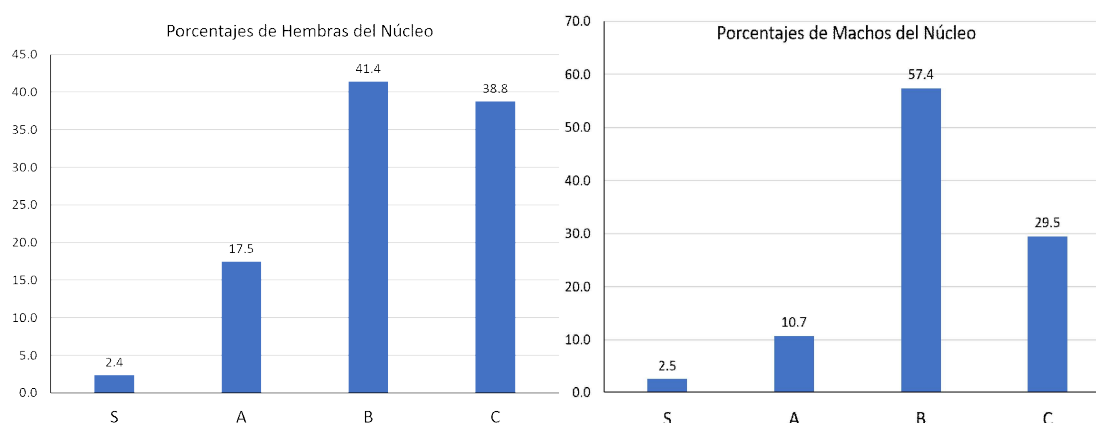


Figura 4. Porcentaje de alpacas hembras y machos por clase en el núcleo genético

La majada está compuesta por alpacas hembras pertenecientes a las clases C y R ( $n= 5956$ ) y por machos de las clases B y C. Con relación al flujo de animales registrados en 2016, hembras de plantel fueron transferidas a la majada de los rebaños  $R_1$ ,  $R_2$ ,  $R_5$  y  $R_6$ . Así mismo, solo el  $R_2$  trasladó un macho reproductor del plantel a la majada. Por otro lado, machos reproductores fueron trasladados de las majadas al plantel en los rebaños  $R_1$ ,  $R_2$  y  $R_6$ . Además, solo tres rebaños compartieron machos (Cuadro 7).

#### Tamaño de Núcleo para el Núcleo Genético Disperso

El número de alpacas calculadas para el núcleo se basó en las consideraciones de manejo de los rebaños miembros del núcleo genético disperso. Se tuvo 41 machos y 747 hembras reproductores en el plantel (Cuadro 8), los cuales generan 107 hembras y 16 machos para reemplazo propio, y 136 machos para reemplazo de la majada. Según al resultado de la descripción, se dice que por ser un núcleo abierto, el 50% del reemplazo de hembras del núcleo son aportados por la majada, entonces 107 hembras de la majada fueron al núcleo.

#### Grado de Vínculo Genético del Esquema de Reproductor Macho de Referencia

En el primer escenario de tres EMR se obtuvo el mayor valor para el GC-8 con 463.75 de total de lazos genéticos (TLG). Así mismo, se observa que el GC-18 registró 8.5 TLG, lo cual significa que este no mantiene un vínculo genético con el grupo principal (Cuadro 9). Sin embargo, en vista que su valor es superior a cero, el método de TLG permite afirmar que al menos mantiene vínculo con los demás grupos secundarios; por lo tanto, se considera que el GC-18 generó un vínculo genético indirecto con el grupo principal.

En el escenario de seis EMR se obtuvo el mayor valor para el GC-8 con 492.25 TLG, por lo que se le considera como el grupo principal. El menor valor fue de 30.5 TLG para el GC-15; sin embargo, es superior al límite inferior para mantener el vínculo con el grupo principal ( $>10$ ), por lo que se considera que este grupo aún mantiene un vínculo directo con el grupo principal. No se encontraron grupos secundarios ni desvinculados (Cuadro 9).

Cuadro 6. Número de alpacas por plantel, clasificados por edad y sexo en seis rebaños de alpacas de la región Pasco, Perú (2016)

Plantel	Hembras					Machos				
	DL <sup>1</sup>	2D	4D	BLL	Total	DL	2D	4D	BLL	Total
P <sub>1</sub>	59	22	12	106	199	42	3	2	13	60
P <sub>2</sub>	69	42	21	130	262	4	6	-	11	21
P <sub>3</sub>	17	10	11	321	359	-	-	-	113	113
P <sub>4</sub>	9	4	8	53	74	14	7	2	34	57
P <sub>5</sub>	30	12	8	72	122	1	1	1	3	6
P <sub>6</sub>	18	5	2	41	66	3	1	-	5	9
Total	202	95	62	723	1082	64	18	5	179	266

DL: dientes deciduos; 2D, 4D: 2 y 4 dientes permanentes; BLL: todos los dientes son permanentes

Cuadro 7. Flujo de alpacas entre estratos y entre rebaños en los seis rebaños en la región Pasco, Perú (2016)

Rebaño	De plantel a majada		De majada a plantel		Entre rebaños	
	Hembras	Machos	Hembras	Machos	Hembras	Machos
R <sub>1</sub>	1	-	-	1	-	-
R <sub>2</sub>	12	1	-	8	-	-
R <sub>3</sub>	-	-	-	-	-	-
R <sub>4</sub>	-	-	-	-	-	2
R <sub>5</sub>	9	-	-	1	-	1
R <sub>6</sub>	2	-	-	-	-	1
Promedio por rebaño	4	0.2	-	1.7	-	0.7

Cuadro 8. Tamaño calculado de los planteles para los seis rebaños de alpacas en la región Pasco, Perú (2016)

Rebaño	Reproductores en la majada			Reproductores en el plantel		
	Hembras (n)	Machos (n)	Total (%)	Hembras (n)	Machos (n)	Total (%)
R <sub>1</sub>	1178	59	89.38	140	7	10.62
R <sub>2</sub>	925	46	89.33	110	6	10.67
R <sub>3</sub>	2245	112	89.38	266	14	10.62
R <sub>4</sub>	1126	56	89.34	134	7	10.66
R <sub>5</sub>	208	10	82.89	42	3	17.11
R <sub>6</sub>	274	14	83.00	55	4	17.00
Total	5956	297	87.22	747	41	12.78

Cuadro 9. Número total de vínculos genéticos de todos los grupos contemporáneos<sup>1</sup> con otros grupos

GC	3MR	6MR	9MR
1	252.75	259.75	258.50
2	264.25	270.00	267.50
3	120.50	118.5	113.25
4	122.50	137.5	135.25
5	191.00	200.00	195.75
6	159.00	159.00	154.00
7	442.50	459.25	469.00
8	463.75	492.25	491.50
9	255.00	299.00	284.75
10	215.25	238.25	265.00
11	243.00	256.25	288.50
12	137.25	160.25	185.00
13	35.25	38.25	52.25
14	37.00	40.00	52.50
15	16.25	30.50	37.50
16	34.00	85.75	61.00
17	36.75	87.00	62.25
18	8.50	31.00	16.00
Max.	463.75	492.25	491.50
Min.	8.50	30.50	16.00

<sup>1</sup> C: grupo contemporáneo; 3 MR, 6MR, 9MR: 3, 6 o 9 machos referencia

Cuadro 10. Grado de vínculo genético entre progenies

Escenarios	3EMR	6EMR	9EMR
Total de progenies (n)	1062	1062	1062
Vínculo principal <sup>1</sup> (%)	98.20	100	100
Vínculo secundario (%)	1.80	0	0
Desvinculados (%)	0	0	0

<sup>1</sup> Solo progenies que se encuentran en grupos contemporáneos con vínculo genético >10

3 MR, 6MR, 9MR: 3, 6 o 9 machos referencia

El tercer escenario de nueve EMR tuvo como grupo principal al GC-8 con 491.5 TLG. Los grupos secundarios fueron los 17 restantes. El menor valor encontrado fue para GC-18 con 16 TLG. No se presentaron GC con vínculos genéticos indirectos ni grupos desvinculados (Cuadro 9).

Los resultados del porcentaje de vínculos generados por las progenies muestran que en el escenario de tres EMR, el grado de vínculo principal fue de 98.2%, el vínculo secundario de 1.8% y no existieron animales desvinculados. Por otro lado, las progenies de los escenarios para seis EMR y nueve EMR establecieron el 100% de vínculo genético principal (Cuadro 10).

## DISCUSIÓN

El éxito de las estructuras genéticas planteadas para pequeños rumiantes es la activa participación de todos los involucrados (Haile *et al.*, 2011). Así mismo, Mueller (2017) menciona que los programas de mejoramiento genético en pequeños rumiantes deben basarse en la organización de los productores e instituciones por tener participación clave para su sostenibilidad en sistemas extensivos y semi-intensivos. La adecuada organización y planificación de actividades de los productores permite el mejor control en el manejo, sobre todo en el apareamiento de los animales del plantel (Gizaw *et al.*, 2014a).

La estratificación del rebaño en sistemas semi-intensivos se inicia básicamente con la evaluación visual de los animales (Mueller, 2013), a pesar de que Corredor (2015) mostró una coincidencia con las altas respuestas productivas de las alpacas en los rebaños evaluados en el presente trabajo para las características de diámetro de fibra y peso de vellón con las clases S y A. Sin embargo, Gizaw *et al.* (2014b) mencionan la importancia de los registros para la evaluación genética, motivo por el cual se realiza la estratificación de los animales para un adecuado manejo de

genealogía. En efecto, se desea que el núcleo esté compuesto por los mejores machos y las mejores hembras, dado que ambos aportan a la progenie la mitad de sus genes (Mueller, 2001; Ahuya *et al.*, 2005). La finalidad del sistema de núcleos es concentrar la ganancia genética (Haile *et al.*, 2011).

La distribución por edad de animales en el núcleo en el presente trabajo difiere a lo reportado por Canazas (2001), quien encontró mayor frecuencia en animales de 4D (39.5%) y menor proporción de BLL (13.1%), y a lo encontrado por Cáceres y Díaz (2007), que registraron mayor cantidad de alpacas de 2D (33.9%).

La principal finalidad del plantel es la de proporcionar machos mejoradores a la majada (Haile *et al.*, 2011; Iñiguez *et al.*, 2013); sin embargo, los rebaños evaluados en 2016 registraron bajos niveles de flujo de animales entre sus estratos plantel y majada. Esta práctica realizada en la presente descripción del flujo genético no coincide con lo señalado por otros autores (Haile *et al.*, 2011; Mueller, 2013; Gizaw *et al.*, 2014a), quienes mencionan que el núcleo genético abierto se caracteriza por permitir el ingreso de las mejores hembras de estratos inferiores hasta en un 50% del reemplazo del plantel.

Por otro lado, el tamaño de núcleo calculado para la estructura genética de núcleo disperso fue similar a los reportado por Mueller *et al.* (2015) con el 16.8% de plantel para una población de cabras en un sistema de empadre natural. Así mismo, Haile *et al.* (2011) indican que entre 5 y 15% de la población de ovinos representa un plantel genético abierto. Resultados distintos son reportados por Gicheha *et al.* (2006) para ovejas en un sistema de empadre natural, donde el tamaño del plantel fue el 5% de la población total para proporcionar el 30% de la población base en un núcleo cerrado.

Con respecto a los escenarios de machos de referencia planteados en la estructura de núcleo disperso, los resultados obteni-

dos del grado de vínculo genético entre grupos de comparación son inferiores a lo reportados por Roso *et al.* (2004) de 707 TLG, lo cual podría ser explicado porque en dicho estudio se trabajó con poblaciones de vacunos bajo inseminación artificial donde el reproductor macho de referencia podía compartir progenies en varios rebaños. En el presente estudio, sin embargo, los escenarios simulados fueron para reproducción de alpacas por monta natural.

Como era de esperarse, los escenarios con mayor número de progenies de los machos de referencia generaron mayores TLG entre grupos. Similares resultados fueron reportados por Kuehn *et al.* (2007) evaluando escenarios de machos de referencia para bovinos, donde registraron 20 progenies del macho reproductor común para que el esquema tenga claras ventajas en la disminución de sesgos de 50 a 33% de la evaluación genética.

Los resultados de vínculos genéticos también coinciden con Tarrés *et al.* (2010), quienes mencionan que la calidad de diseño del EMR, a través de la proporción de progenies de machos comunes dentro de un rebaño, permite mejorar el sesgo en la comparación de valores genéticos entre rebaño. Mathur (2005) señala, asimismo, que alrededor del 15% de las progenies de reproductores macho de referencia en un rebaño son suficientes para alcanzar un buen nivel de vínculo genético en porcinos. Por otro lado, Hanocq *et al.* (1999) mencionan que solo con realizar un adecuado vínculo se incrementa la tendencia genética (+20%) en cada ciclo de selección. Kennedy y Trus (1993) mostraron que el vínculo aumenta con la relación entre los grupos, mientras que disminuye cuando aumenta la relación dentro del grupo.

En la revisión de otras investigaciones, se observa que Kuehn *et al.* (2008) reportaron 20% de grado de vínculo genético en 15 rebaños de ovinos con modelo macho, y que el empleo de 15 GC con machos de referencia permite minimizar el riesgo de comparar valor de cría del animal. Por su parte Tarrés

*et al.* (2010) registró un vínculo genético alto de 70.7% para una evaluación genética con modelo animal en 18 rebaños de bovinos. Esto indica que los porcentajes de vínculo de este estudio son altos, y similares a lo reportado por Roso *et al.* (2004) de 94.5% de TLG para rebaños de bovinos de carne.

## CONCLUSIONES

- Los rebaños de alpacas en el año 2016 estaban establecidos por un núcleo genético central y abierto, con bajo flujo de animales entre plantel y majada.
- Bajo los parámetros zootécnicos del estudio y una población base de 5956 hembras, el tamaño mínimo del núcleo de alpacas Huacaya es de 747 hembras y 41 machos reproductores.
- El esquema de reproductores macho de referencia para el núcleo genético disperso permitirá establecer vínculos genéticos directos que fluctúan de 98.2 a 100%.

## LITERATURA CITADA

1. **Ahuya CO, Okeyo AM, Mwangi-Njuru, Peacock C. 2005.** Development challenges and opportunities in the goat industry: the Kenya experience. *Small Ruminant Res* 60: 197-206. doi: 10.1016/j.smallrumres.2005.06.013
2. **Barrantes C. 2012.** Caracterización de planteles en los sistemas de producción alpaquera de la Sierra Central. Tesis de Maestría. Lima, Perú: Univ. Nacional Agraria La Molina. 97 p.
3. **Cáceres M, Díaz G. 2007.** Estructura poblacional y variabilidad fenotípica de alpacas (*Vicugna pacos*) en el distrito de Paratia, provincia de Lampa-Puno. *Arch Latinoam Prod Anim* 15-(Supl 1): 480-481.
4. **Canazas F. 2001.** Estructura poblacional y variabilidad fenotípica de alpacas en tres anexos del distrito San Juan de Tarucani en la Reserva Nacional de Salinas y Aguada Blanca. Tesis de Médico Veterinario Zootecnista. Arequipa, Perú: Univ. Católica de Santa María. 78 p.
5. **Corredor A. 2015.** Relación entre las clases de evaluación visual y el peso de vellón, peso vivo y finura en alpacas Huacaya de Pasco. Tesis de Maestría. Lima, Perú: Univ. Nacional Agraria La Molina. 69 p.
6. **Gicheha GM, Kosgey IS, Bebe BO, Kahi AK. 2006.** Evaluation of the efficiency of alternative two tier nucleus breeding systems designed to improve meat sheep in Kenya. *J Anim Breed Genet* 123: 247-257. doi: 10.1111/j.1439-0388.2006.00598.x
7. **Gizaw S, Goshme S, Getachew T, Haile A, Rischkowsky B, van Arendonk J, Valle-Zárate A, et al. 2014a.** Feasibility of pedigree recording and genetic selection in village sheep flocks of smallholder farmers. *Trop Anim Health Pro* 46: 809-814. doi: 10.1007/s11250-014-0569-6
8. **Gizaw S, van Arendonk JA, Valle Zárate A, Haile A, Rischkowsky B, Dessie T, Mwai AO. 2014b.** Breeding programs for smallholder sheep farming systems: II. Optimization of cooperative village breeding schemes. *J Anim Breed Genet* 131: 350-357. doi: 10.1111/jbg.-12102
9. **González C, Fajardo M, Corredor A, Dallos. 2002.** Protocolo de análisis de información de finca ganaderas. Fondo Nacional del Ganado. Bogotá, Colombia. [Internet]. Disponible en: <http://www.compuagro.net/Tour/Protocolo%20de%20 analisis.pdf>
10. **Haile A, Wurzinger M, Mueller J, Mirkena T, Duguma G, Okeyo A, Sölkner J, et al. 2011.** Guidelines for setting up community-based sheep breeding programs in Ethiopia: lessons and experiences for sheep breeding in low-input systems. Syria: ICARDA. 37 p.
11. **Hanocq E, Tiphine L, Bibé B. 1999.** Le point sur la notion de connexion en génétique animale. *Inra Prod Anim* 12: 101-111.

12. **Iñiguez L, Mueller J, Faco O, Wurzinger M, Sölkner J, Rodríguez T, Salinas H. 2013.** Limitaciones y sostenibilidad del mejoramiento genético comunitario para pequeños productores en las zonas áridas de Latinoamérica. En: Iñiguez LR (ed). La producción de rumiantes menores en las zonas áridas de Latinoamérica. Brasilia, Brasil: EMBRAPA. p 516-538.
13. **Kennedy BW, Trus D. 1993.** Considerations on genetic connectedness between management units under an animal model. *J Anim Sci* 71: 2341-2352. doi: 10.2527/1993.7192341x
14. **Kuehn LA, Lewis RM, Notter DR. 2007.** Managing the risk of comparing estimated breeding values across flocks or herds through connectedness: a review and application. *Genet Sel Evol* 39: 225-247. doi: 10.1186/1297-9686-39-3-225
15. **Kuehn LA, Notter DR, Nieuwhof GJ, Lewis RM. 2008.** Changes in connectedness over time in alternative sheep sire referencing schemes. *J Anim Sci* 86: 536-544. doi: 10.2527/jas.2007-0256
16. **Lewis R, Simm G. 2000.** Selection strategies in sire referencing schemes in sheep. *Livest Prod Sci* 67: 129-141. doi: 10.1016/S0301-6226(00)00182-2
17. **Mathur PK. 2005.** Importance of connectedness between herds for effective across herd genetic evaluation. *J S China Agric Univ* 26: 61-68.
18. **Mueller J. 2001.** Mejoramiento genético de las majadas patagónicas. En: Borrelli P, Oliva G (eds). Ganadería sustentable en la Patagonia Austral. Ed INTA Región Patagonia Sur 10: 209-222.
19. **Mueller J. 2013.** Experiencias con estructuras genéticas para el mejoramiento de rumiantes menores en las zonas áridas. En: Iñiguez LR (ed). La producción de rumiantes menores en las zonas áridas de Latinoamérica. Brasilia: Ed EMPRAPA. p 497-513.
20. **Mueller J. 2017.** Programas de mejora genética de rumiantes menores basados en comunidades. *Arch Latinoam Prod Anim* 25: 59-73.
21. **Mueller JP, Ansari-Renani HR, Momen SM, Ehsani M, Alipour O, Rischkowsky B. 2015.** Implementation of a Cashmere goat breeding program amongst nomads in Southern Iran. *Small Ruminant Res* 129: 69-76. doi: 10.1016/j.smallrumres.2015.05.011
22. **Quispe E. 2010.** Estimación del progreso genético de seis esquemas de selección en alpacas (*Vicugna pacos*) Huacaya con tres modelos de evaluación en la región altoandina de Huancavelica. Tesis Doctoral. Lima, Perú: Univ. Nacional Agraria La Molina. 114 p.
23. **Roden JA. 1996.** A comparison of alternative nucleus breeding systems and a sire referencing scheme for sheep improvement. *Anim Sci* 62: 265-270. doi: 10.1017/S1357729800014569
24. **Roso V, Schenkel F. 2006.** AMC-A computer program to assess the degree of connectedness among contemporary groups. In: Proc 8<sup>th</sup> World Congress on Genetics Applied to Livestock Production. Belo Horizonte, Minas Gerais, Brazil.
25. **Roso VM, Schenkel FS, Miller SP. 2004.** Degree of connectedness among groups of centrally tested beef bulls. *Can J Anim Sci* 84: 37-47. doi: 10.4141/A02-094
26. **Ruiz J, Gutiérrez G, Flores E. 2015.** Índices pecuarios de tres unidades de producción de alpacas en Pasco. VII World Congress on South American Camelids. Puno, Perú.
27. **Simm G, Lewis RM, Collins JE, Nieuwhof GJ. 2001.** Use of sire referencing schemes to select for improved carcass composition in sheep. *J Anim Sci* 79: E255-E259. doi: 10.2527/jas2001.79E-SupplE255x
28. **Tarrés J, Fina M, Piedrafita J. 2010.** Connectedness among herds of beef cattle bred under natural service. *Genet Sel Evol* 42: 1-9. doi: 0.1186/1297-9686-42-6