

PROGRAMA DE MEJORAMIENTO GENETICO EN CAMELIDOS DOMESTICOS

Selection program in south american domestic camelids

Renieri, C¹; Pacheco C. ², Valbonesi, A¹; Frank, E³; Antonini; M⁴

1. INTRODUCCIÓN

El documento presenta la experiencia de selección genética que se está conduciendo en la población de alpacas de la provincia de Caylloma en Perú (PROMEGE, programa de mejoramiento genético) a través de un esfuerzo de cooperación entre el Centro de Estudios y Promoción del Desarrollo (DESCO) - Perú, el departamento de ciencia ambiental de la universidad de Camerino - Italia, el Centro para la nueva tecnología, la energía y el ambiente ENEA - Italia y el programa SUPPRAD de la universidad Católica de Córdoba - Argentina.

El programa utiliza un esquema de selección de núcleo abierto, caracterizado por un núcleo manejado por DESCO - CEDAT, 20 planteleros (850 animales aproximadamente) y más de 200 criadores (familias campesinas) (15000 animales aproximadamente). La población total de la provincia de Caylloma se estima en 200 000 animales aproximadamente, 90 % Huacaya y 10 % Suri, con un 60% de animales blancos y un 40 % de animales de color (Gonzales y Renieri 1998). El programa de mejoramiento genético se inició en 1985 con la creación por DESCO del programa de desarrollo rural valle del Colca, y continuó en 1996 con la creación del Centro de Desarrollo Alpaquero de Tocra (CEDAT). En 1998 se ha formulado el plan de mejora genética (Gonzales y Renieri 1998) que entró en funcionamiento en el 2005, después de los resultados de dos programas de investigación para el desarrollo financiados por la Unión Europea (U.E. INCO) SUPREME (1997 - 2000) DECAMA (2002 - 2006) que han permitido adquirir toda la información genética necesaria. En este momento el programa

está en pleno funcionamiento. PROMEGE es el primer programa de selección genética hasta ahora hecho para operar en las poblaciones de alpacas y llamas criadas en el altiplano andino. El único otro ejemplo en ese sentido es en efecto el programa AGE, que funciona en Australia y Nueva Zelanda e ITALPACA, que funciona desde el 2004 en Italia.

2. PROMEGE

2.1 LOS OBJETIVOS DE SELECCIÓN

Los caracteres que se toman en cuenta como objetivos de selección son los siguientes:

a.- Caracteres cualitativos

Tipo de vellón: Suri o Huacaya

El color del vellón, en este caso la selección es:

A favor del blanco uniforme no albino

A favor del vellón de color uniforme (Negro, marrón, LF y salvaje)

Contra el vellón de dos colores, contra las manchas irregulares

b.- Características cuantitativas

Cantidad de fibra producida

Finura de la fibra (diámetro)

Coefficiente de variabilidad del diámetro de fibra

2.2.1 CRITERIOS DE SELECCIÓN

Representan criterios de selección:

La observación directa de los animales al nacimiento, por el tipo de vellón y el color

El peso de la fibra producida en la primera esquila que debe realizarse al año de edad, con un intervalo de confianza de más o menos 2 meses (Antonini et al 2004).

El diámetro medio de la fibra y el coeficiente de variabilidad obtenidos de la muestra estándar del lado derecho del animal tomado en la primera esquila.

¹Departamento de Ciencias Ambientales, Universidad de Camerino, Italia. Email: carlo.renieri@unicam.it; ²DESCO CEDAT, Arequipa, Peru, email : ³Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Católica de Córdoba, Argentina. Email ...; ³ILO, Universidad de Camerino, Italia. Email : marco.antonini@unicam.it

2.3 LA BASE GENÉTICA DE LOS CARACTERES

2.3.1. SURI VS HUACAYA

Diversas teorías han estado formuladas relativas al mecanismo hereditario del suri respecto al huacaya (Velasco, 1980; Calle escobar, 1884, Ponzoni et al, 1997, Baychelier, 2000). Nosotros hemos podido analizar los datos de segregación de un gran criadero privado del Perú, relativo a 588 alpacas (62 familias de medios hermanos paternos) nacidos del apareamiento suri x suri y 2126 alpacas (177 familias de medios hermanos paternos) nacidos del apareamiento huacaya x huacaya (Renieri et al, 2007 inédito). Sobre los nacidos de las 21 familias suri x suri segregantes (de las cuales ha nacido al menos un probando, una alpaca huacaya) han sido probados 4 hipótesis para un modelo de dos fenotipos: la hipótesis de un solo gen dominante (hipótesis probada 7 suri : 1 huacaya), y tres hipótesis epistáticas: doble epistasis dominante (15 suri : 1 huacaya) doble epistasis recesiva (9 huacaya : 1 suri) y epistasis dominante y recesiva (13 suri : 3 huacaya).

Solamente la hipótesis de un solo gen dominante resulta adecuada para explicar la segregación entre suri y huacaya ($G_{adj} = 0.347$, $P = 0.556$). La frecuencia del gen recesivo Huacaya estimada con el método modificado Single Jackknife Estimator (MSJE) es 0.295; la frecuencia del gen dominante para el suri es 0.705 (Hueter and Murphy, 1980). La frecuencia de los heterocigotos ha resultado igual a 0.416 en toda la población y 0.455 en la población de suri solamente, con una relación "carrier" suri/huacaya de 4.780.

La dirección de selección para el suri debe ser aquella que busque eliminar los heterocigotos a favor de los homocigotos dominantes.

Tabla 1. Frecuencia observada en atención la hipótesis a priori 7:1 en las familias segregantes suri x suri

Males	Offspring	Observed frequency		Expected frequency ^a		G_{adj}^b	P
		SURI	HUACAYA	SURI	HUACAYA		
190	32	31	1	27.9	4.1	3.630	0.057
239	18	16	2	15.5	2.5	0.111	0.739
65691	27	26	1	23.5	3.5	2.697	0.101
00-024	27	23	4	23.5	3.5	0.089	0.765
00-034	30	27	3	26.2	3.8	0.215	0.643
0-176	27	26	1	23.5	3.5	2.697	0.101
0-258	19	13	6	16.4	2.6	4.053	0.044
02-848	34	29	5	29.7	4.3	0.126	0.722
1-1-245	6	5	1	4.6	1.4	0.133	0.716
1-2-240	9	7	2	7.4	1.6	0.109	0.741
1-3-214	8	7	1	6.5	1.5	0.246	0.620
1-3-310	12	10	2	10.1	1.9	0.009	0.924
1-3-329	10	8	2	8.3	1.7	0.063	0.802
1-3-333	10	9	1	8.3	1.7	0.392	0.531
2-1-376	19	16	3	16.4	2.6	0.076	0.783
2-3-335	5	4	1	3.7	1.3	0.089	0.766
2-3-342	5	3	2	3.7	1.3	0.489	0.484
9-163	20	19	1	17.3	2.7	1.553	0.213
9-510	44	34	10	38.5	5.5	3.471	0.062
Pooled	362	313	49	316.8	45.3	0.347	0.556

a Según la fórmula propuesta por Andresen (1974) : b Ajustada según la correlación de William (Sokal and Rohlf, 1995)

Entre los 2126 (1009 hembras y 1117 machos) nacidos del apareamiento huacaya x huacaya en 177 familias de medios hermanos paternos, 2123 resultaron huacaya y 3 suris nacidos en tres familias diferentes. puesto que los padres pertenecen a líneas huacaya de varias generaciones, no se puede pensar en un error de clasificación por las madres. Se trata entonces del resultado de una nueva mutación con sobre expresión genética (mutación inversa) a nivel de líneas gaméticas de los progenitores. El gen responsable para la síntesis de huacaya y suri estaría por lo tanto el resultado de una mutación recurrente, que aparece con una tasa de mutación constante en cada generación. La tasa de mutación sería igual a $3/(2126) = 0.001411101$. El nacimiento de suri productos de apareamiento huacaya x huacaya explica porque a veces a sido considerado recesivo. algunos autores describen la existencia de un tipo intermedio denominado chili (anónimo, 1994: C Tuckwel, comunicación personal y Ponzoni et al, 1997) descrito también en la llama (Frank et al .; 2001). El estudio de la penetración del carácter suri en la heterocigosis será seguido en el centro experimental INIA - Quimsachata gracias al cruce entre suri y huacaya según el siguiente esquema : 9 machos suris x 135 hembras huacaya y 8 machos huacaya x 95 hembras suri.

2.3.2 COLOR DEL VELLÓN

Son favoritos para la selección el blanco uniforme no albino y el modelo de pigmentación uniforme negro y marrón (Renieri et al., 1994 a, b; Renieri, 1995) blanco significa ausencia de pigmentación. Porque los melanocitos, las células que producen pigmentos no se encuentran solo sobre la piel de los animales provistos de cobertura pilifera (melanocitos foliculares) pero también en el ojo, en el oído interno, en las meninges y en otros órganos internos, una primera distinción importante que hacer es entre una ausencia generalizada de pigmentación o una ausencia de pigmentación limitada al folículo piloso. El primer tipo de blanco es decir ALBINISMO OCULOCUTANEO, da origen a animales con problemas también auditivos y visuales , puede derivarse de dos mecanismos genéticos:

- Albinismo "tirosinasas negativo" (OCA 1): consigue una mutación con perdida de funciones de los alelos salvajes al locus estructural para la tirosinasa (albino), el cual es la vía para la síntesis de todas los pigmentos (pasaje de tiroxina a DOPA quinona)

- Albinismo "Tirosinasa positivo" consigue una mutación de loci asociados como pink eyed (OCA 2), TYRP1 (OCA3), MATP (OCA4)

Varias formas hipomelanosis (Hermansky-Pudlack syndrome, ChediaK-Higashi syndrome, Griscelli syndrome, Angelman syndrome, Prader-Willi syndrome,

Ataxia Telangiectasia, Hallerman-Streiff syndrome, Histidinemia, Homocystinuria, Oculocerebral syndrome with Hypopigmentation, Tietz syndrome, Kappa-Chain deficiency, Menkes'Kinky Hair syndrome, Phenilketonuria), nelle quali sono coinvolti molti geni (King y Oetting, 2006).

Ninguna de estas situaciones patologicas pueden ser tomadas en consideración para obtener un blanco uniforme (Renieri, 2003).

El Blanco uniforme no albino característico de varias especies de mamíferos es obtenido como mutación con perdida de funciones de genes involucrados en la migración embrionaria de melanoblastos, de la cresta neural al folículo piloso del los animales en su desarrollo local (Bennet y Lamoreaux 2003). Están actualmente identificados y clonados en mamíferos 22 genes que intervienen en esta función (Baxter et al 2004). La mayor parte de las mutaciones asociadas al blanco en tales loci se comportan como letales. En dos casos a la inversa para el loci MITF (microftalmia) y C - Kit (Dominant White Spooting) es posible obtener individuos vitales completamente blancos. Estos podrían ser los genes implicados en el blanco.

En colaboración con INIA, en la estación experimental de Quimsachata se esta llevando acabo una experimentación orientada a comprender el mecanismo biológico del blanco uniforme y su base genética.

El vellón negro uniforme deriva de la prevaencia de eumelanina en el vellón del animal (Renieri et al 1991, Renieri et al 1995; Cecchi et al 2006). Estas Eumelaninas son negras por que en el heteropolimero que le caracteriza se tiene una prevalencia neta del monómero DHI (Dihidroindol) .

En el caso de una prevalencia de la forma acidificada al contrario (DHICA) las eumelaninas son marrones. Genéticamente el negro uniforme puede tener dos orígenes. Puede derivarse de una mutación con perdida de función al locus Agouti, en este caso se comporta como recesivo con respecto a los otros modelos de pigmentación. o también puede derivarse de mutaciones con sobre expresión génica al locus MC1R el cual en este caso es dominante (Lauvergne et al 1996) de los datos de segregación en nuestro proceso existe seguramente un negro recesivo en la alpaca. No es posible excluir también la existencia de un negro dominante.

El marrón representa un modelo Eumelanico con prevalencia de eumelaninas marrones, por la presencia de eumelanosomas marrones (Cozzali et al 2001) genéticamente el marrón deriva de una mutación con perdidas de funciones del locus TYRP1 (Brown)

Tabla 2. Heredabilidad (diagonal), correlación genética (sobre la diagonal) y correlación fenotípica (bajo la diagonal) del peso del vellón, de la finura y del CV de la finura.

Carácter	Peso del vello	Finura	CV finura
Peso del vello	0.84	0.230 *	0.377 *
Finura	0.179 *	0.32	0.324 *
CV finura	0.091	0.124	0.46

* $P \geq 0.001$

mientras los alelos salvajes permiten la expresión del negro uniforme. (Castrignano et al 2001)

2.3.3.1 CARACTERES CUANTITATIVOS

la selección considera : El peso del vellón a la primera esquila, el diámetro del vellón, y el coeficiente de variabilidad siempre a la primera esquila, los datos son relativos a 293 animales machos y hembras nacidos en Tocra en los años 2004 y 2005.

Entre los factores no genéticos analizados (tipo de vellón, edad, sexo, color del vellón) Resultaron significativos al análisis de varianza, el factor edad sobre el diámetro y el factor tipo de vellón sobre el coeficiente de variabilidad del diámetro. La correlación fenotípica resultó igual a 0.179 entre el peso del vellón y el diámetro, 0.091 entre el peso del vellón y el CV del diámetro y 0.124 entre el diámetro y el CV del diámetro. Las correlaciones genéticas resultaron iguales a 0.230 ($P = 0.001$) entre el peso del vellón y el diámetro 0.377 ($P = 0.001$) entre el peso de vellón y el CV del diámetro 0.324 ($P = 0.001$) entre el diámetro y el CV del Diámetro los resultados son escasamente confrontables con lo observado en la literatura, en vista de la gran variabilidad existente (Frank et al 2006)

2.4 MÉTODO DE SELECCIÓN

E IDENTIFICACIÓN DE REPRODUCTORES

Los animales son evaluados por sus características cuantitativas, con el método del test performance. Sobre la base de los parámetros genéticos de los caracteres considerados, se ha propuesto un índice sintético estimado con el modelo Múltiple Trait y con el software MTDFREML (Múltiple Trait Derivate Free Restricted Maximum Likelihood) así ponderamos 50% al diámetro de fibra, 40% al CV del diámetro y 10% al peso de vellón.

Sobre 293 animales, 154 (53%) presentaron índice de selección positivo, la confiabilidad de esta estimación varía entre 0.503 y 0.783, con una media de 0.733. de 154 animales con índice positivo, 126 tienen valores de confiabilidad superiores al valor medio.

2.5 ORGANIZACIÓN DEL NÚCLEO DE TOCRA

El núcleo de Tocra - CEDAT está organizado en 14 familias de alpacas Huacaya y 4 suri . las familias han sido creadas sobre la base del mismo fenotipo y en relación al grado de parentesco de sus miembros, que va desde hijos hasta a primos en primer grado. Cada familia comprende 2 o 3 machos y 20 a 30 hembras . las 14 familias huacaya comprenden 9 familias blancas, 3 cafés y 2 negras. Las 14 familias huacaya comprenden suri son blancas, para las 9 familias huacaya blancas y las 4 suri blancas el manejo reproductivo se realiza aplicando el esquema "circular matings" (Wright, 1921; 1931; Kimura and Crow, 1963) o empadres circulares, el cual consiste en el ápside reproductores de la familia natal a aquella lejana en términos de parentesco. Mediante este sistema cada familia deberá producir en un año: un reproductor macho mejorador, el mejor para el apareamiento interno en el núcleo; 2 reproductores machos mejoradores para transferir a los planteleros , la sustitución de reproductores dentro del núcleo debe hacerse cada dos años , las hembras nacidas en cada familia y con índice positivo serán utilizadas por sustitución o reemplazo internamente en la familia o serán transferidas a los planteleros. La familia huacaya, negra y marrón por ser poco numerosas funciona como núcleo cooperativo con los planteleros.

2.6 TRANSFERENCIA DE REPRODUCTORES DEL NÚCLEO A PLANTELEROS

Los planteleros deben registrar los datos fenotípicos relativos al peso del vellón, diámetro de fibra y CV del diámetro. Desde este año los datos obtenidos servirán para estimar los índices genéticos también para sus animales. Los planteleros recibirán los reproductores mejoradores del núcleo y los cambiarán cada tres años. Los planteleros transferirán los hijos de los mejoradores a los criadores comerciales. el valor de multiplicación deberá ser igual a 5 machos mejoradores al año por cada macho recibido del núcleo.

3. CONCLUSIONES

Al contrario de lo que se cree las limitaciones más importantes para la operación del programa de mejoramiento genético no parece ser de naturaleza

ambiental (complejidad del ambiente andino) ni de tipo económico, pero esencialmente de tipo cultural. Un programa de mejoramiento genético requiere que se defina bien la población que donde se aplicará tal programa.

Las razas existentes en la alpaca son esencialmente del tipo primario, resultado de la primera repartición del pool genético sucesivo a la domesticación y en los camélidos domésticos algunos efectos de deriva genética provocados por el shock de la conquista (Renieri et al 2007) las razas primarias se caracterizan clásicamente por una elevada variabilidad fenotípica sea de los caracteres cualitativos (color, tipo de vellón) como de los caracteres cuantitativos (parámetros biométricos, producción)

Para lo cuál el acercamiento a la selección exige particularmente opciones impactantes en la misma población. Un acercamiento bastante erróneo ha llevado a prepreferir los efectos de la combinación genética (incrocio) a los de la selección. En particular tal elección ha estado fuertemente valorada en Perú. De la creación de un L.G. nacional que permitía la inscripción de animales pertenecientes a cualquier población, en la idea herrada que un mejorador pueda comportarse en tal modo en cualquier población donde se reproduzca.

REFERENCIAS

Andresen, E., 1974. The effect of ascertainment by truncate selection on segregation ratios. 1st World Congress Genetic Applied Livestock Production, Madrid, 111-114.

Anonymous, 1994. Alpacas Australia, Issue Number 1, p. 47.

Antonini M., Gonzales M. Y Valbonesi A., 2004. Relación entre la edad y el desarrollo postnatal de los fullicolos pilosos en tres tipos de camélidos sudamericanos domésticos. *Livestock Production Science*, 90, 241-246.

Baychelier P., 2000. Suri and Huacaya : Two alleles or Two Genes ?. *Proc. 2000 Australian Alpaca Association National Conf.*, Camberra, pp 79-85.

Baxter L.L., Ling Hou, S.K. Loftus and W.J. Pavan, 2004. Spotlight on Spotted Mice: A Review of White Spotting Mouse Mutants and Associated Human Pigmentation Disorders. *Pigment Cell Research*, 17, 215-224.

Bennett D.C. and Lamoreax M.L., 2003. The Color Loci of Mice – A Genetic Century. *Pigment Cell Research*, 16, 333-344.

Calle Escobar R., 1984. *Animal Breeding and Animal Production of American Camelids*. Ron Henning – Patience, Lima, Peru.

Castrignanò F., Antonini M., Misiti S., Cristofanelli S., Renieri C., 2001. Sequence of tyrosinase related protein-1 (TRP-1) in alpaca. In : Gerken M. e Renieri C Eds "Progress in South American camelids research", EAAP publ n° 105, Wageningen Pers, Wageningen, 2001, 199-206.

Cozzali C., Dell'Aglio C., Gargiulo A.M., Frank E., Hick M., Ceccarelli P., 2001. SUPREME-Project : Pigmentation on South American camelids: II. Morphological features of follicular melanocytes. In : Gerken M. e Renieri C Eds "Progress in South American camelids research", EAAP publ n° 105, Wageningen Pers, Wageningen, 2001, 237-238.

Frank E. N., Hick M.H.V., Pesarini M., Hick, P.M.L. Hick, Capelli C. I., Ahumada M.R., 2001. SUPREME-Project: Classification of fibres of different types of fleeces in Argentine llamas. In : Gerken M. e Renieri C Eds "Progress in South American camelids research", EAAP publ n° 105, Wageningen Pers, Wageningen, 2001, 251.

Frank E.N., Hick M.V.H., Gauna C.D., Lamas H.E., Renieri C., Antonini M., 2006. Phenotypic and genetic description of fibre traits in South American Domestic Camelids (Llamas y Alpacas). *Small Ruminant Research*, 61, 113-129.

Gonzales M. y Renieri C., 1998. Propuesta de un plan de selección de la población de alpacas en la provincia de Caylloma, Arequipa. En Frank E., Renieri C. Y Lauvergne J.J., *Actas del Tercer Seminario de Camélidos Sudamericanos Domésticos y primer Seminario Proyecto SUPREME*, Universidad Católica de Córdoba, pp. 27-38.

Huether C.A. and Murphy E.A., 1980. Reduction of bias estimating the frequency of recessive genes. *Am. J. Hum. Genet.*, 32: 212-222.

Kimura M., Crow C.J.F., 1963. On the maximum avoidance of inbreeding. *Genet. Res.*, 4, 399-415.

King R.A. and Oetting W.S., 2006. Oculocutaneous Albinism. In "Genetic Hypomelanoses : Generalized Hypopigmentation". In Nordlung J.J. et al. (eds) *The Pigmentary System*. Blackwell Publishing, Oxford University Press, pp599-621.

Lauvergne J.J., Renieri C., Frank E., 1996. Identification of some allelic series for coat colour in domestic camelids of Argentina. *Proc. 2° European Symposium on South American Camelids*, Università di Camerino, Italy, 39-50.

Ponzoni R.W., Hubbard D.J., Kenyoni R.V., Tuckwell C.D., McGregor B.A., Howse A., Carmichael I., Judson G.J., 1997. Phenotypes resulting from huacaya by huacaya, suri by huacaya and suri by suri alpaca crossing. Proc. Intern. Alpaca Industry Sem., pp 11-13.

Renieri C., 1994 a. Pigmentation in domestic mammals with reference to fine fibre producing species. Eur. Fine Fibre Network, Occ. Publ. No. 1, 113-136.

Renieri C., 1994 b. The genetic basis of pigmentation in South American Camelids. Proc. Eur. Symp. South American Camelids, M. Gerken & C. Renieri Ed., Univ. di Camerino, 1994, 31-41.

Renieri C., 1995. Biología y genética de las capas de los mamíferos y su extensión a los camelidos. Actas Primer Seminario Internacional de Camelidos Sudamericanos Domésticos, Frank E.N. e C. Renieri Eds, Univ. di Camerino, 69-87.

Renieri C., 2003. Selection for coat colour in alpaca (*Lama pacos*) and llama (*Lama glama*). Proc. III Congreso Mundial sobre Camelids y I Taller Internacional de DECAMA, Potosi, Bolivia, 11-19.

Renieri C., Trabalza Marinucci M., Martino G., Giordano G., 1991. Preliminary report on quality of hair and coat colour in pigmented alpaca. Proc. IX Italian ASPA, 905-914.

Renieri C., Lauvergne J.J., Antonimi M., Lundie R., 1995. Quantitative determination of melanins in black, brown, grey and red phenotypes of sheep, goat and alpaca. Proc. 9th Int. Wool Textile Res. Conf., II, 580-586

Renieri¹ C., Frank² E.N., Rosati³ A.Y Macias Serrano⁴ J. A., 2007. El concepto de raza en zootecnia y su aplicación a la llama y a la alpaca. In Frank E., Antonini M., Toro O.(eds) South American Camelids Research. Volume II, Wageningen Academic Publisher, in press.

Renieri C., Valbonesi A., La Manna V., Antonimi M., Asparrin M., 2007. Inheritance of Suri and Huacaya type of fleece in alpaca. Small Ruminant Research, submitted.

Sokal R.R., Rohlf F.J., 2003. Biometry. 3rd ed. Freeman WH and Company, New York, 887 p.

Velasco J., 1980. Mejoramiento Genético de Alpacas. Anales III Reunión Científica Annual Soc. Peruana de Prod. Anim., Lima.

Wright S., 1921. Systems of mating. Genetics, 6, 111-178.

Wright S., 1931. Evolution in Mendelian population. Genetics, 16, 97-159.