

**VARIABILIDAD GENÉTICA EN DOS POBLACIONES DE LLAMAS (*Lama glama*)  
EN HUANCAVELICA**

**GENETIC VARIABILITY IN TWO POPULATIONS OF LLAMAS (*Lama glama*) IN  
HUANCAVELICA**

Rojas-Salvatierra Joel<sup>1</sup> , Quispe Jonathan<sup>1</sup> , Serrano Luis<sup>1</sup>  y Paucar-Chanca Rufino<sup>1</sup> 

<sup>1</sup> Laboratorio de Mejoramiento Genético – Universidad Nacional de Huancavelica. Huancavelica. Perú.  
[rufino.paucar@unh.edu.pe](mailto:rufino.paucar@unh.edu.pe)

Recepción: 26 de enero de 2023

Aprobación: 07 de abril de 2023

**Resumen**

El presente estudio se realizó con la finalidad de sentar las bases para emprender un programa de mejoramiento genético o conservación de llamas, por tal razón el objetivo fue determinar la variabilidad genética en dos poblaciones de llamas de la región Huancavelica. Para lo cual, se estudió muestras de ADN de 44 llamas elegidas al azar. Estas muestras fueron procesadas utilizando un panel de 14 marcadores microsatélites fluoromarcados, estos fueron posteriormente amplificados y luego separados por electroforesis capilar con el secuenciador automático ABI 3130XL. Se encontraron en total 172 alelos en las poblaciones en estudio. En la población del Centro de Investigación y Desarrollo de Camélidos Sudamericanos – Lachocc (CIDCS – Lachocc), el número de alelos por locus ( $N_a$ ) fue de 90 en total, en un rango de 3 a 11 alelos, el número efectivo de alelos ( $N_e$ ) fue de 46.9 en total, con rangos de 1.62 a 5.38; la heterocigosidad observada ( $H_o$ ) y la esperada ( $H_e$ ) con rangos de 0.88 a 0.29 y 0.81 a 0.39, respectivamente. En la población de Lircay, el  $N_a$  fue de 82 en total, en un rango de 3 a 8 alelos, el  $N_e$  fue de 43.51 en total, con rangos de 1.23 a 5.16; la  $H_o$  y la  $H_e$  con rangos de 0.95 a 0.2 y 0.81 a 0.19, respectivamente. El contenido de información polimórfica (PIC) promedio para las dos poblaciones fue de 0.65, con rangos de 0.39 a 0.80. El coeficiente de consanguinidad (Fis) para el CIDCS – Lachocc mostró niveles bajos de consanguinidad (-0.0075) de la misma forma para la población de Lircay (-0.0145). Los valores de  $F_{st}$  fueron de 0.074 y  $F_{it}$  de 0.064 que indican una diferenciación genética moderada. Concluyendo que existe una moderada variabilidad genética en estas poblaciones.

**Palabras clave:** *Lama glama*; variabilidad genética; heterocigosidad; consanguinidad

## Summary

The present study was carried out with the purpose of laying the foundations to undertake a program of genetic improvement or conservation of llamas, for this reason the objective was to determine the genetic variability in two populations of llamas in the Huancavelica region. For which, DNA samples from 44 randomly chosen llamas were studied. These samples were processed using a panel of 14 fluorolabeled microsatellite markers, these were subsequently amplified and then separated by capillary electrophoresis with the ABI 3130XL automatic sequencer. A total of 172 alleles were found in the study populations. In the population of the Center for Research and Development of South American Camelids - Lachocc (CIDCS - Lachocc), the number of alleles per locus ( $N_a$ ) was 90 in total, in a range of 3 to 11 alleles, the effective number of alleles ( $N_e$ ) was 46.9 in total, with ranges from 1.62 to 5.38; the observed ( $H_o$ ) and expected ( $H_e$ ) heterozygosity with ranges from 0.88 to 0.29 and 0.81 to 0.39, respectively. In the Lircay population, the  $N_a$  was 82 in total, in a range of 3 to 8 alleles, the  $N_e$  was 43.51 in total, with ranges from 1.23 to 5.16;  $H_o$  and  $H_e$  with ranges from 0.95 to 0.2 and 0.81 to 0.19, respectively. The average polymorphic information content (PIC) for the two populations was 0.65, with ranges from 0.39 to 0.80. The inbreeding coefficient ( $F_{is}$ ) for the CIDCS - Lachocc showed low levels of inbreeding (-0.0075) in the same way for the Lircay population (-0.0145). The  $F_{st}$  values were 0.074 and  $F_{it}$  0.064, indicating a moderate genetic differentiation. Concluding that there is a moderate genetic variability in these populations.

**Keywords:** *Lama glama*; genetic variability; heterozygosity; consanguinity

## Introducción

La llama (*Lama glama*) es el más grande camélido sudamericano doméstico, que está adaptada mejor a un extenso rango de condiciones ambientales de las zonas altoandinas. Aproximadamente, hace 6,000 años, fue domesticada a partir del guanaco silvestre (*Lama guanicoe*) en los andes peruanos (Wheeler, 1984). El Perú es el segundo país productor de estos animales, que cuenta con 746,269 animales, entre llamas Chaku y Qara. La región Huancavelica, por otro lado, del total de la población nacional posee 17,472 llamas lanudas o Chaku y 37,128 llamas peladas o Qara (Villar y Campos, 2014)

La crianza de este camélido, es una de las actividades con mayor influencia para el desarrollo de la población altoandina, no solo por su adaptación a climas extremos, sino también por su eficiencia en la utilización de los bajos nutrientes que tienen los pastizales altoandinos, ya sea para producir fibra y/o carne. Estos camélidos son utilizados en mayor parte como transporte, medio alimentario y fibra. En nuestro país, la gran parte de los sistemas de crianza se desarrollan en manos de pequeños productores (Huanca, 2011). En los rebaños, se realiza la selección a base de rasgos fenotípicos y, ante esto, se admite por parte de los cuidadores de estos rebaños, la existencia de cruces entre alpacas y

llamas, a veces no se puede reconocer estos animales a base de su fenotipo (Kadwell *et al.*, 2001). La conservación de especies tomó un gran apogeo últimamente, ya que, entre factores distintos, la merma de diversidad genética acorta la capacidad de rescatar especies en peligro de extinción y/o mantener y/o mejorar el rendimiento de otras.

Por ello, es indispensable saber la variabilidad genética y su reparto en las poblaciones, así como reconocer alelos extraños que adviertan la presencia de variantes genéticas (Aranguren *et al.*, 2001). Por consecuente, para desarrollar un programa, ya sea de conservación o de mejoramiento genético, es muy indispensable conocer la variabilidad genética de la especie deseada, en este caso de la llama, ya que esto repercute en los progresos genéticos de estos programas. Por tal motivo, la finalidad del presente trabajo fue determinar la variabilidad genética de llamas en 2 poblaciones de la Región Huancavelica.

## Material y métodos

### *Muestras*

Los animales utilizados para el presente estudio fueron 44 llamas, los cuales fueron tomados al azar y provenientes de las poblaciones del Centro de Investigación y Desarrollo de Camélidos Sudamericanos –

Lachocc de la Universidad Nacional de Huancavelica y del distrito de Lircay, provincia de Angaraes, región Huancavelica

#### *Extracción de sangre*

La muestra de sangre se obtuvo de la vena yugular de las llamas, utilizando agujas y tubos al vacío, luego la sangre fue depositada en tubos falcón de 15 ml. que contenían etiléndiaminotetraacético (EDTA) al 2%. En cada tubo se rotuló los datos respectivos de cada animal muestreado (población, sexo, edad, arete). Una vez recolectadas, fueron puestas en una caja de tecnopor con bolsas de hielo, para su posterior traslado al Laboratorio de Mejoramiento Genético (LAMG) de la Universidad Nacional de Huancavelica.

#### *Extracción de ADN*

La extracción de ADN de las 44 muestras sanguíneas fue utilizando el protocolo de Sambrook y Rusell (2001).

#### *Cuantificación de ADN*

Se procedió a cuantificar el ADN por medio de un espectrofotómetro de multiplacas (Epoch); el cual proporciona la lectura de absorbancia a 260nm y 280nm.

#### *Electroforesis*

La integridad (calidad) del ADN extraído, se analizó con la técnica de electroforesis en gel de agarosa al 1%.

#### *Análisis genético*

Para el análisis de la variabilidad genética (número total de alelos, frecuencias alélicas y alelos efectivos) fueron estimados utilizando el software GenAEx 6.5 la heterocigosidad observada ( $H_o$ ), la heterocigosidad esperada ( $H_e$ ) y el índice de contenido polimórfico (PIC). Por otra parte, utilizando el software CERVUS 3.0.7 fueron estimados el coeficiente de endogamia ( $F_{is}$ ), el índice de Fijación ( $F_{st}$ ) y el coeficiente de endogamia general ( $F_{it}$ ).

#### **Resultados y discusión**

Se observaron un total de 172 alelos en las 2 poblaciones en estudio para los 14 loci tipificados, con una variación de alelos entre 3 (YWLL40) a 11 (LCA37 y LCA66), alelos efectivos entre 1.90 (LCA19) a 5.38 (LCA66) para el CIDCS – Lachocc y entre 3 (YWLL40 y YWLL46) a 8 (LCA08, LCA24 y LCA66), alelos efectivos entre 1.23 (LCA19) a 11 (LCA08) para Lircay (Tabla 01).

**Tabla 01.** Número de alelos por locus y número efectivo de alelos por población.

Población Locus	CIDCS – Lachocc		Lircay	
	Na	Ne	Na	Ne
LCA05	6	2.74	5	1.92
LCA08	7	4.43	8	5.16
LCA19	5	1.90	5	1.23
LCA24	6	3.32	8	4.08
LCA37	11	3.22	7	4.37
LCA56	5	4.43	6	3.08
LCA65	7	3.47	6	2.58
LCA66	11	5.38	8	3.04
LCA94	5	1.97	5	2.37
LCA99	6	2.90	6	2.17
LGU49	7	4.24	7	4.62
YWLL29	6	3.44	5	4.28
YWLL40	3	1.62	3	2.09
YWLL46	5	3.83	3	2.52
<b>Total</b>	<b>90</b>	<b>46.89</b>	<b>82</b>	<b>43.51</b>
<b>Promedio</b>	<b>6.43</b>	<b>3.35</b>	<b>5.86</b>	<b>3.11</b>

En la Tabla 02, se puede apreciar que los valores resultantes de la heterocigosidad observada y heterocigosidad esperada para la población del CIDCS – Lachocc osciló entre 0.29 (YWLL40) a 0.88 (LCA66) y entre 0.39 (YWLL40) a 0.81 (LCA66),

respectivamente. Para la población de Lircay, la heterocigosidad observada y heterocigosidad esperada fluctuó entre 0.2 (LCA19) a 0.95 (LCA08) y entre 0.19 (LCA19) a 0.81 (LCA08), respectivamente.

**Tabla 02.** Heterocigosidades por locus por población.

Población Locus	CIDCS – Lachocc		Lircay	
	Na	Ne	Na	Ne
LCA05	0.71	0.64	0.45	0.48
LCA08	0.83	0.77	0.95	0.81
LCA19	0.46	0.47	0.20	0.19
LCA24	0.75	0.70	0.80	0.76
LCA37	0.67	0.69	0.85	0.77
LCA56	0.67	0.77	0.55	0.68
LCA65	0.83	0.71	0.70	0.61
LCA66	0.88	0.81	0.55	0.67
LCA94	0.58	0.49	0.65	0.58
LCA99	0.63	0.66	0.65	0.54
LGU49	0.83	0.76	0.85	0.78
YWLL29	0.67	0.71	0.60	0.77
YWLL40	0.29	0.39	0.65	0.52
YWLL46	0.79	0.74	0.65	0.60
<b>Promedio</b>	<b>0.68</b>	<b>0.67</b>	<b>0.65</b>	<b>0.62</b>

En la Tabla 03, se puede observar que para el contenido de información polimórfica se obtuvieron valores entre 0.34 y 0.80.

**Tabla 03.** Contenido de información polimórfica (PIC) para las 2 poblaciones.

<b>Locus</b>	<b>PIC</b>
LCA05	0.56
LCA08	0.80
LCA19	0.34
LCA24	0.73
LCA37	0.77
LCA56	0.72
LCA65	0.65
LCA66	0.79
LCA94	0.53
LCA99	0.60
LGU49	0.79
YWLL29	0.74
YWLL40	0.39
YWLL46	0.67
<b>Promedio</b>	<b>0.65</b>

En la Tabla 04, se puede apreciar el índice de fijación de Wright, los valores de  $F_{IS}$ ,

fueron de -0.0075 y -0.0145 para el CIDCS – Lachocc y Lircay, respectivamente.

**Tabla 04.** Estadísticos F para las 2 poblaciones.

<b>Población</b>	<b>Fis</b>	<b>Fst</b>	<b>Fit</b>
CIDCS - Lachocc	-0.0075		
Lircay	-0.0145	0.074	0.064

Los resultados con respecto al número de alelos y al número efectivo de alelos, son inferiores, según a lo publicado por Díaz *et al.* (2015) y Yalta (2014), pero similares al reportado por Bustamante *et al.* (2006). La superioridad podría atribuirse al mayor número de ejemplares muestreados y/o a la especie.

Con respecto a los valores heterocigosidad por locus, son inferiores a los reportados por Bustamante *et al.* (2006) y por Yalta (2014), probablemente esto se deba a la estructura poblacional de los rebaños.

En cuanto a los valores del PIC obtenidos, son inferiores a los reportados por Yalta (2014) y Aguilar (2011), posiblemente podría atribuirse a la diferencia de especies.

Con respecto a los valores del Fis y Fit son inferiores a los obtenidos por Bustamante *et al.* (2006), por otra parte, los valores de Fst encontrados son similares, esto debido probablemente al tipo de selección que tienen los rebaños.

### Conclusiones

En las 2 poblaciones, la variabilidad alélica obtenida fue moderada, la heterocigosidad esperada fue inferior a la heterocigosidad observada, estos resultados pueden indicar un bajo grado de endogamia. En cuanto al PIC, podemos afirmar que 12 de los 14 marcadores microsatélites utilizados son muy informativos para detectar variabilidad genética, de entre estos marcadores, los marcadores LCA08 y LGU49 son altamente informativos, pero los marcadores microsatélites LCA19 y YWLL40 resultaron medianamente informativos en estas poblaciones. Para los valores de Fis, indican exceso de heterocigotos dentro de cada población, lo cual podría sugerir que se acercan a las condiciones de una población cuyos apareamientos son al azar. Para el valor de Fst, indica que hay exceso de homocigotos. Para el valor de Fit calculado para todos los loci y para las 2 poblaciones, evidenció el 94% de varianza en las frecuencias alélicas obtenidas en ambas poblaciones y sólo un 6% de la varianza se atribuye a desigualdades entre las poblaciones.

### Agradecimientos

Al Fondo de Desarrollo Socioeconómico del Proyecto Camisea (FOCAM) de la Universidad Nacional de Huancavelica.

### Bibliografía

Aguilar León, J. (2011). Determinación de la variabilidad genética en tres poblaciones de vicuñas (*Vicugna vicugna mensalis*) en cautiverio a partir de muestras de heces. [Trabajo de fin de grado]. Universidad Nacional Mayor de San Marcos.

Aranguren-Méndez, J., Jordana, J. y Gomez, M. (2001). Genetic diversity in Spanish donkey breeds using microsatellite DNA markers. *Genetics Selection Evolution* 33. Article number: 433-442. <https://doi.org/10.1186/1297-9686-33-4-433>.

Bustamante, A., Maté, M., Lamas, H., Giovambattista, G., Zambelli, A. y Vidal, L. (2006). Análisis de diversidad genética en tres poblaciones de llamas (*Lama glama*) del noroeste argentino. *Revista Chilena de Historia Natural* 79: 175-184. <http://dx.doi.org/10.4067/S0716-078X2006000200004>.

Díaz, E., Gallegos, R., Peso, S., Veli, E. y Vallejo, A. (2015). Diversidad y estructura genética de poblaciones de llama suri en las regiones de Cusco y Puno (Perú), *Rev.*

Invest. Altoandin, 17(3),437-440.  
<http://dx.doi.org/10.18271/ria.2015.158>.

Excoffier, L., Smouse, P. y Quattro, J. (1992). Analysis of molecular variance inferred from metric distances among DNA haplotypes: application to human mitochondrial DNA restriction data. *Genetics*, 131(2), 479-491.  
<https://doi.org/10.1093/genetics/131.2.479>.

Huanca W. (2011). Los desafíos en el manejo reproductivo de los camélidos sudamericanos, *ALPA*, 21(4), 233-236.  
[https://www.produccion-animal.com.ar/produccion\\_de\\_camelidos/reproduccion/37-manejo\\_reproductivo.pdf](https://www.produccion-animal.com.ar/produccion_de_camelidos/reproduccion/37-manejo_reproductivo.pdf).

Kadwell, M., Fernandez, M., Stanley, H., Baldi, R., Wheeler, J., Rosadio, R. y Bruford, M. (2001). Genetic analysis reveals the wild ancestors of the llama and the alpaca. *Proceedings of the Royal Society of London. Series B: Biological Sciences*, 268(1485), 2575-2584.  
<https://doi.org/10.1098/rspb.2001.1774>.

Sambrook, J. y Rusell, D. (2001). *Molecular cloning: a laboratory manual*. *Quarterly Review of Biology*, 86(3), 248-249.  
<https://doi.org/10.1093/oxfordjournals.jhered.a111573>.

Villar, V. y Campos, M. (2014). IV Censo Nacional Agropecuario. <http://repositorio.cultura.gob.pe/handle/CULTURA/47>.

Wheeler, J. (1984). La domesticación de la alpaca (*Lama pacos* L.) y la llama (*Lama glama* L.) y el desarrollo temprano de la ganadería autóctona en los Andes Centrales. *From the journal*. 36, 74-84.  
<https://agris.fao.org/agris-search/search.do?recordID=PE19870000085>.

Yalta Macedo, C. (2014). Variabilidad genética poblacional de alpacas (*Vicugna pacos*) determinada por marcadores microsatelites en el Centro Piloto Munay Paqocha y del Fundo Itita, Puno-Perú. [Trabajo de fin de grado]. Universidad Nacional Mayor de San Marcos.