

Diversidad y Estructura Genética de Poblaciones de Llama Suri en las Regiones de Cusco y Puno (Perú)*

E. DIAZ†, R. GALLEGOS†, S. PEZO#, E. VELI&, A. VALLEJO§

†Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Universidad Nacional del Altiplano, Puno, Perú. #Estación IVITA Marangani-Facultad de Medicina Veterinaria-Universidad Nacional Mayor de San Marcos-Lima. Perú. *Subdirección de Recursos Genéticos y Biotecnología-SUDIRGEB. Instituto Nacional de Innovación Agraria-INIA, Lima, Perú. &Bióloga, Bogotá, Colombia.

INFORMACIÓN DEL ARTICULO

Art. Recibido 08/julio/2015
Art. Aceptado 16/octubre/2015
online: 30/diciembre/2015

PALABRAS CLAVE:

* Conservación
* diversidad genética
* Llama Suri
* manejo
* microsatélites

RESUMEN

La Llama Suri (*Lama glama*) es considerada un *híbrido*, o una posible variedad de Llama. Con el objetivo de determinar la diversidad y estructuración genética de poblaciones de llamas Suri, se analizaron cuatro poblaciones, con un total de 137 individuos: Yanapaccha y Chocoaquilla (Puno), Chaupihuasi y Surihuaylla (Cusco), empleando 15 loci microsatélites, identificando el grado de variación a nivel intrapoblacional y el grado de diferenciación con otras variedades de llamas Chak'u (15), K'ara (8) y con 14 alpacas Suri. Patrones de diversidad y estructuración genética fueron conducidos, identificando un total de 190 alelos (12.7 ± 4.2 alelos por locus). Los niveles de heterocigocidad fueron altos para las cuatro poblaciones analizadas. El coeficiente de consanguinidad (Fis) reflejó un déficit de heterocigotos para todas las poblaciones, principalmente en Yanapaccha que mostró valor de Fis positivo, información respaldada por valores del equilibrio de Hardy-Weinberg por marcador a nivel global. El Coeficiente de diferenciación genética entre poblaciones (Fst) y el análisis de varianza molecular (AMOVA), refleja un grado de diferenciación moderada entre las poblaciones. El análisis factorial de correspondencia (AFC) y el análisis de asignamiento de individuos STRUCTURE indica la presencia de acervos genéticos diferentes para cada población de Llama Suri, compartidos en mayor medida con las variedades de llamas Chak'u y K'ara y con una mayor diferenciación de alpacas Suri, demostrando distancias genéticas entre especies. Los resultados obtenidos, soportan una alta diversidad genética al interior de las poblaciones analizadas que puede ser explicada por los múltiples orígenes de este germoplasma (manejo), además muestra una diferenciación considerable entre las llamas Suri y las demás variedades y sobre todo de las alpacas Suri, lo que constituye información relevante para el establecimiento de programas de manejo y mejora genética de las poblaciones de Llama Suri que permitan elevar la productividad de los productores de este recurso en las regiones de Cusco y Puno.

* Artículo presentado al VII Congreso Mundial en Camélidos Sudamericanos, llevado a cabo en la ciudad de Puno - Perú, los días 28 al 30 de octubre del 2015.

INTRODUCCIÓN

En el Perú la crianza de alpacas y llamas es una actividad que constituye la seguridad alimentaria de la población alto andina y el principal medio de utilización productiva de extensas áreas de pastos naturales (Bonavía, 1996). En ambas especies se diferencian dos razas primarias basados en el tipo de vellón y la disposición de las fibras en el cuerpo del animal, que dan un aspecto fenotípico diferenciado en alpacas Huacaya y Suri, en llamas Chak'u y K'ara. Actualmente, existen pequeñas poblaciones (ecotipos) de llamas con características fenotípicas propias escasamente documentados. Diversos estudios indican que el vellón de vellón tipo Suri en llamas (también encontradas en alpacas), podría haber sido generado por una mutación aún no identificada ni localizada en el genoma de la especie, que hace variar considerablemente las características de la capa (Wheeler, 2012; Renieri *et al.* 2009; Franco *et al.*, 1998). La llama Suri es un animal con características biológicas, etológicas y de conformación similar a la llama, y está cubierto por un vellón parecido al de la alpaca Suri, considerado como un híbrido, producto del cruce interespecífico espontáneo o dirigido de un padre alpaca Suri por una madre llama Chak'u o una posible variedad de llama, que han existido desde la época pre inca (Mestanza, 2014; Peña, 2002; Wheeler *et al.*, 1995). Representan un valor de opción en la crianza de camélidos sudamericanos como productor de fibra y carne, gracias a su rusticidad y eficiencia digestiva, por lo que puede ser aprovechado en forma económica, ecológica y cultural. Actualmente se encuentra en peligro de extinción, por una probable disminución y pérdida de la diversidad genética, que está generando problemas reproductivos, ya que no se han implementado estrategias de crianza, ni programas de manejo reproductivo y productivo, por el contrario, son eliminados como animales de descarte y las experiencias de conservación por parte de los productores son escasas. La presente investigación analizó la diversidad y estructura genética de poblaciones de llama Suri en las regiones de Cusco y Puno, a nivel del ADN nuclear empleando marcadores microsatélites para proporcionar una aproximación de su historia evolutiva y características poblacionales recientes como herramientas para el establecimiento de programas de uso sustentable de este grupo de animales.

MATERIALES Y MÉTODOS

Se colectaron muestras de pelo con folículo piloso de 4 poblaciones de llama Suri (N=137) en las regiones de Cusco y Puno (Tabla 1 y figura 1). El ADN nuclear fue extraído mediante Sambrook *et al.*, 2001 (modificado) y se analizaron empleando 15 marcadores microsatélites fluoromarcados (VOLP04, VOLP32, VOLP55, VOLP72, VOLP77, LCA37, LCA05, LCA66, LCA08, LCA90, LCA94, VOLP92, YWLL36, YWLL44 y YWLL08), los fragmentos fueron amplificados por PCR y separados por Electroforesis capilar ABI 3130 XL (Applied Biosystem). Se realizaron análisis genético poblacionales para determinar el tamaño de los alelos (programa informático Power Stats V12.Xls®), la diversidad genética, heterocigocidad, flujo génico, índice de Consanguinidad y Eq. Hardy-Weimberg empleando el programa GENEPOP 4.1.0 (Raymond y Rousset, 1995), además, se realizaron análisis de estructuración genética empleando el programa ARLEQUIN 3.1 (Excoffier *et al.*, 2005), GENETIX 4.0.5 (Belkhir *et al.*, 2003) y STRUCTURE 2.3.4 (Pritchard *et al.*, 2000). Para comparar con otros Camélidos Sudamericanos, se adicionaron resultados obtenidos para 15 llamas Chak'u, 8 llamas K'ara y 14 alpacas Suri de Cusco y Puno.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

El análisis de los 15 loci microsatélites reveló una alta diversidad alélica y genética en las 4 poblaciones de llama Suri, con un total de 190 alelos y un promedio de 12.7 ± 4.2 (con un rango de 7 y 21) alelos por locus (Tabla 2) y valores de diversidad genética por población superiores a 0.5 con altos niveles de heterocigocidad observada con un rango entre 0.72 y 0.79 (Tabla 3). El coeficiente de consanguinidad (Fis) fue positivo en la población de Yanapaccha (0.03266), sin embargo se encontraron valores negativos en las poblaciones de Chocoquilla (-0.01401), Chaupihuasi (-0.06646) y Surihuaylla (-0.02540), el análisis del equilibrio de Hardy-Weimberg (EHW), mostró una desviación del EHW en la población de Yanapaccha para más del 50 % de loci analizados, explicadas por déficit de heterocigotos y el análisis de la desviación del equilibrio de EHW global por marcador muestra que hay un significativo déficit de heterocigotos para el marcador VOLP72 y se determinó que sólo 3 loci microsatélites (VOLP32, LCA5, VOLP92) se encuentran en EHW. Se realizó un análisis factorial de correspondencia (AFC-Figura 2) el cual muestra las relaciones genéticas existentes entre las poblaciones de llamas Suri analizadas. Cada uno de los ejes que contiene la gráfica representa en porcentaje el nivel de variación genética entre las poblaciones, y muestra como todas las poblaciones de llamas se separan significativamente de las alpacas estudiadas. Así mismo, no se evidencia una diferenciación clara entre las poblaciones que contienen llamas Suri (Yanapaccha, Chocoquilla, Chaupihuasi y Surihuaylla) con las otras variedades de llamas estudiadas (Chak'u y K'ara), por el contrario, se evidencia que la diferenciación contenida entre las poblaciones a nivel genético, pareciera tener un mayor origen a partir del tipo de manejo o aislamiento reproductivo que están teniendo las poblaciones a lo largo de su fundación, por lo tanto las poblaciones de Chaupihuasi y Surihuaylla, representarían unidades genéticas diferentes a diferencia de las poblaciones de Chocoquilla y sobre todo Yanapaccha que además de estar más cercanas genéticamente entre sí, también se encuentran más relacionadas con las poblaciones de llamas Chak'u y K'ara analizadas. El índice de diferenciación genética, fue moderada entre las 4 poblaciones de 0.0755 y se muestra un mayor flujo genético hacia la población de Yanapaccha de las otras 3 poblaciones de llama Suri, el análisis de varianza molecular (AMOVA), indicó que el 97.44% de la variación proviene de la variabilidad dentro de la población total de llamas Suri, mientras que solamente el 7.48% de la variación, se debió a la variabilidad en las frecuencias alélicas encontrada entre las poblaciones, indicando que entre las cuatro poblaciones se comparten un mayor número de alelos con frecuencias alélicas similares fijando alelos en común y conservando acervos genéticos provenientes de ancestros comunes. Otros parámetros de diferenciación genética poblacional como la Fst (diferenciación) y Nm (Flujo genético) también fueron calculados (Tabla 4). Al comparar las poblaciones entre sí, se evidencia mayores valores de diferenciación entre las poblaciones de alpacas con llamas, en especial con las poblaciones de Chaupihuasi y Surihuaylla, lo cual también es corroborado con el AFC. Esto, también se refuerza con los valores bajos de flujo genético entre estas mismas poblaciones. El mayor flujo genético (Tabla 4) encontrado se presentó entre las poblaciones de llama Suri de Yanapaccha y Chocoquilla, esto posiblemente por un origen más reciente de estas poblaciones, o porque en el momento del manejo de los rebaños no se está realizando un control de apareamiento y algunas llamas Chak'u, siguen apareándose con llamas Suri, lo cual podría estar generando este efecto. El análisis de estructuración poblacional (Figura 3) reveló que las poblaciones de llama Suri de Chocoquilla, Chaupihuasi y Surihuaylla pueden ser agrupadas en 3 grupos genéticos ya que muestran

DIVERSIDAD Y ESTRUCTURA GENÉTICA DE POBLACIONES DE LLAMA SURI EN LAS REGIONES DE CUSCO Y PUNO (PERÚ)

una estructuración genética diferenciada, mientras que la población de Yanapaccha muestra acervos genéticos comunes a las otras 3 poblaciones de llama Suri. Las 4 poblaciones de llama Suri, las llamas Chak'u y K'ara evidencian la existencia de acervos genéticos comunes, ya que no se observa en un 100% un acervo genético único, a su vez fueron genéticamente distintas de las alpacas Suri.

CONCLUSIONES

Las poblaciones de llama Suri analizados tienen un alto grado de polimorfismo para casi todos los marcadores microsatélites encontrándose que las poblaciones de Chocoaquilla, Chaupihuasi y Surihuaylla, presentan mayor variabilidad alélica, mayor diversidad genética, con valores negativos para el índice de consanguinidad, sin embargo los análisis del equilibrio de Hardy-Weimberg indican un ligero déficit de heterocigotos, sobretodo en la población de Yanapaccha con valor del índice de consanguinidad positivo. Las poblaciones de Chocoaquilla, Chaupihuasi y Surihuaylla son grupos genéticos únicos representando unidades genéticas diferentes, mientras que la población de Yanapaccha no muestra estructuración genética debida principalmente al flujo genético continuo que ha experimentado. Las cuatro poblaciones de llama Suri presentan acervos genéticos comunes con las poblaciones de llamas Chak'u y K'ara analizados, esto posiblemente se deba al efecto fundador materno de llamas en la formación de las poblaciones de llamas Suri estudiadas. Además no existe una clara diferenciación genética entre las variedades de llamas, pero si entre llamas Suri y alpacas Suri, mostrando una distancia genética clara entre especies. Estos resultados, son importantes para iniciar futuras estrategias de manejo y aprovechamiento de poblaciones de llamas Suri de las regiones de Cusco y Puno, siendo un primer aporte para tomar decisiones de gestión para el posible mejoramiento genético de poblaciones de llamas Suri en el Perú.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

Bonavía, D. 1996. Los camélidos sudamericanos: una introducción a su estudio. Universidad Peruana Cayetano Heredia, Instituto Francés de Estudios Andinos. Lima, Perú. 843p.

Franco E.; W. García y D. Pezo. 1998. Manual de crianza de llamas. Pub Téc. FMV Perú Nº 33. Lima: UNMSM. 42 p.

Mestanza, O.A. 2014. Análisis genético poblacional en llamas *Lama glama* (Linnaeus, 1758) de la región Puno utilizando la región control del ADN mitocondrial. Tesis de pregrado. Facultad de Ciencias Biológicas. UNMSM, Lima, Perú.

Peña, Y. 2002. Caracterización preliminar de la llamas Suri en el departamento del Cusco. Tesis de pregrado. Universidad Nacional San Antonio Abad del Cusco. Facultad de Zootecnia. Cusco, Perú.

Pritchard JK, M. Stephens y P.J. Donnelly. 2000. Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics*, 155: 945-959.

Renieri C., E. Frank, Y. Rosati y M. Antonini. 2009. Definición de razas en llamas y alpacas. *Animal Genetic Resources Information*, 45, 45-54.

Wheeler JC, AJF. Russela, H. Redden. 1995. Llamas and Alpacas: Pre-conquest breeds and post-conquest hybrids. *J Archaeol Sci.* 22: 833-840.

Wheeler, JC. 2012. Evaluación genética de las variedades de llama K'ara, Chak'u y Suri en Perú y Ecuador. VI Congreso mundial de Camélidos Sudamericanos. Arica-Chile.

Tabla 1. Fundos con poblaciones de llama Suri y sus datos geográficos.

| Fundo | Distrito | Provincia | Región | Datos geográficos (GPS) |
|--------------|-----------|-----------|--------|--|
| YANAPACCHA | Nuñoa | Melgar | Puno | Altitud: 4072 m.s.n.m. Latitud Sur: 14° 24' 14.4" Longitud Oeste: 070° 40' 31.8" |
| CHOCOAQUILLA | Macusani | Carabaya | Puno | Altitud: 4699m.s.n.m. Latitud Sur: 14° 08' 05.1" Longitud Oeste: 070° 36' 51.7" |
| CHAUPIHUASI | Marangani | Canchis | Cusco | Altitud: 4608 m.s.n.m. Latitud Sur: 14° 14' 24.9" Longitud Oeste: 070° 50' 52.2" |
| SURIHUAYLLA | Paruro | Paruro | Cusco | Altitud: 4161m.s.n.m. Latitud Sur: 13° 75' 30.3" Longitud Oeste: 071° 85' 10.9" |

Tabla 2. Número de alelos por locus según población de llama Suri

| LOCUS | Nº ALELOS | Tamaño de Alelo (pb) | Nº ALELOS / LOCUS / POBLACIÓN LLAMA SURI | | | |
|-------------------|------------|----------------------|--|-------------------------|------------------------|------------------------|
| | | | Yanapaccha Alelos (n) | Chocoaquilla Alelos (n) | Chaupihuasi Alelos (n) | Surihuaylla Alelos (n) |
| VOLP04 | 19 | 230-254 | 10 | 10 | 9 | 13 |
| VOLP32 | 21 | 191-275 | 8 | 10 | 10 | 16 |
| VOLP55 | 12 | 160-192 | 10 | 7 | 9 | 9 |
| VOLP72 | 7 | 164-182 | 6 | 7 | 5 | 6 |
| VOLP77 | 13 | 199-175 | 7 | 11 | 10 | 8 |
| LCA37 | 16 | 124-174 | 8 | 11 | 12 | 7 |
| LCA5 | 11 | 186-206 | 6 | 5 | 7 | 6 |
| LCA66 | 13 | 217-257 | 7 | 12 | 7 | 10 |
| LCA8 | 12 | 228-256 | 7 | 8 | 9 | 8 |
| LCA90 | 9 | 227-268 | 6 | 8 | 5 | 6 |
| LCA94 | 6 | 187-199 | 4 | 5 | 4 | 4 |
| VOLP92 | 10 | 191-215 | 7 | 6 | 6 | 8 |
| YWLL36 | 14 | 143-173 | 4 | 10 | 7 | 9 |
| YWLL44 | 10 | 82-118 | 9 | 9 | 8 | 7 |
| YWLL8 | 17 | 125-181 | 10 | 11 | 11 | 11 |
| Total | 190 | | 109 | 130 | 119 | 128 |
| $\bar{x} \pm D.S$ | 12.7 ± 4.2 | | 7.3 ± 1.9 | 8.7 ± 2.3 | 7.9 ± 2.3 | 8.5 ± 3.0 |

Nº, n=Número; pb=pares de bases; x=promedio; D.S=desviación estándar

Tabla 3. Valores de Diversidad Genética, Heterocigocidad, Índice de consanguinidad (Fis) para los 15 loci por población de llama Suri

| Valores de Diversidad genética, Heterocigocidad y Fis (Total/Población) | | | | |
|---|---------------------|--------|--------|----------|
| | Diversidad Genética | He | Ho | Fis |
| Yanapaccha | 0.7359 | 0.7372 | 0.7359 | 0.03266 |
| Chocoaquilla | 0.7962 | 0.7733 | 0.7962 | -0.01401 |
| Chaupihuasi | 0.7311 | 0.6755 | 0.7311 | -0.06646 |
| Surihuaylla | 0.7244 | 0.6994 | 0.7244 | -0.0254 |

He= Heterocigocidad esperada, Ho= Heterocigocidad observada

Tabla 4. Parámetros de diferenciación genética estimados para las 4 poblaciones de llamas Suri, para llamas Chak'u, K'ara y alpacas Suri en este estudio basados en el análisis de 15 marcadores microsatélites. Las distancias genéticas pareadas (Fst) y el número de migrantes efectivos por generación (Nm) se encuentran expuestos arriba y debajo de la diagonal respectivamente.

| | Yanapaccha | Chocoaquilla | Chaupihuasi | Surihuaylla | Llama Chak'u | Llama K'ara | Alpaca Suri |
|--------------|------------|--------------|-------------|-------------|--------------|-------------|-------------|
| Yanapaccha | - | 0,05902 | 0,05336 | 0,07352 | 0,0281 | 0,04654 | 0,07825 |
| Chocoaquilla | 3,99 | - | 0,09012 | 0,05654 | 0,02733 | 0,03705 | 0,07584 |
| Chaupihuasi | 4,44 | 2,52 | - | 0,10003 | 0,05453 | 0,09128 | 0,13469 |
| Surihuaylla | 3,15 | 4,17 | 2,25 | - | 0,03992 | 0,06367 | 0,13947 |
| Llama Chak'u | 8,65 | 8,9 | 4,33 | 6,01 | - | 0,01852 | 0,017954 |
| Llama K'ara | 5,12 | 6,5 | 2,49 | 3,68 | 13,25 | - | 0,08223 |
| Alpaca Suri | 2,94 | 3,05 | 1,61 | 1,54 | 2,89 | 2,79 | - |

Figura 1. Distribución geográfica de las poblaciones de Llama Suri analizadas.

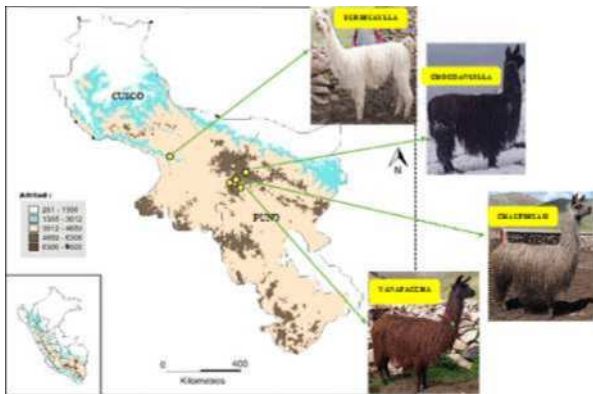


Figura 2. Representación espacial de las poblaciones de llama Suri, en relación a la llama Chak'u, K'ara y alpacas Suri, según lo definido por el análisis factorial de correspondencia en base a 15 microsatélites.

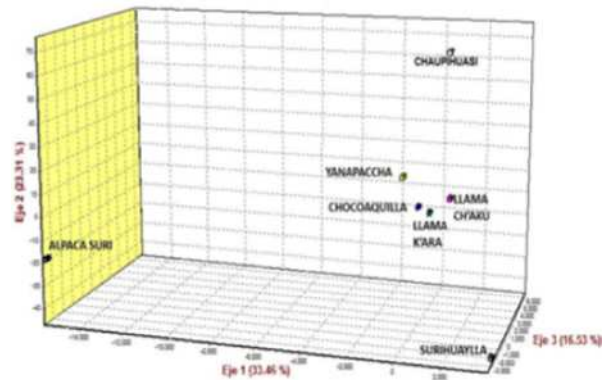


Figura 3. Representación gráfica de los resultados del asignamiento de individuos y los acervos genéticos por población sugeridas por el análisis Bayesiano realizado para evaluar la estructura de las poblaciones estudiadas en $k = 5$. Cada color representa un acervo genético (Cluster) y la longitud del segmento de color muestra las proporciones estimadas de cada individuo de ser miembro de ese grupo. Las líneas negras separan a los individuos de las diferentes poblaciones de Llama suri (Yanapaccha, Chocoaquilla, Chaupihuasi y Surihuaylla), Llama Chak'u, Llama K'ara y alpacas Suri.

