



PERÚ

Ministerio
de Desarrollo Agrario
y Riego



Instituto Nacional de Innovación Agraria



UNIVERSIDAD NACIONAL AGRARIA
LA MOLINA



Siempre
con el pueblo

Proyecto Contrato N° 125-2020-FONDECYT

“Explorando la diversidad genómica de cuyes nativos peruanos (*Cavia porcellus*) de zonas altoandinas, una visión para la conservación de recursos zoogenéticos del Perú”.

Blga. Claudia Esther Yalta Macedo
Investigadora Responsable del Proyecto

Subdirección de Biotecnología

2022

DIRECCIÓN DE RECURSOS GENÉTICOS Y BIOTECNOLOGÍA

Subdirección de Recursos Genéticos

Líneas de Investigación

Recursos Fitogenéticos Agrícolas y Forestales

Recursos Zoogenéticos

Recursos Genéticos de Microorganismos y Biodiversidad Asociada

Valoración y Uso de los Recursos Genéticos

Taxonomía y Filogenia

Pre mejoramiento Estadística y Biometría

Subdirección de Biotecnología

Líneas de Investigación

Biología Computacional y Bioinformática

Desarrollo Biotecnológico

Servicios Biotecnológicos

Sublíneas de Investigación

Biotecnología Ambiental

Biotecnología Vegetal

Biotecnología Animal

Biotecnología Industrial

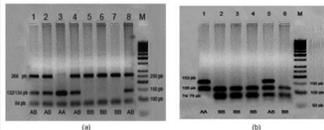
Biotecnología de Fármacos y Nutraceuticos

Investigación Línea de Investigación Biotecnología Animal y Recursos Zoogenéticos-DRGB

“Gestionar los recursos genéticos de la Agrobiodiversidad para el sector agrario”

AEI.03.02 Protocolos en materia de biotecnología disponibles para los integrantes del Sistema Nacional de Innovación Agraria-SNIA.

2004-2008
Proteínas lácteas kapa caseína y beta lactoglobulina



2009-2010
Camélidos

2011
Caballos, ovinos

3

2012-2015
Cromosoma Y, Mitochondrial y BoLA



5

2019
Proteínas lácteas: alfa y beta caseína, Genotipado de Provirus de Leucosis bovino



7

2016-2018
Colaboradores en proyectos: Alpacas-UNALM



6

2019
Genoma de Cuy Museo de Historia Natural de UNMSM



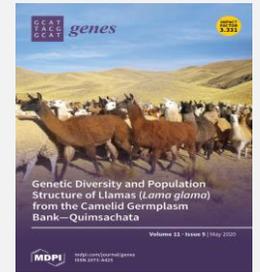
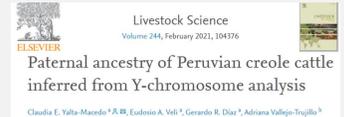
8

2020
Investigación Básica 2020-FONDECYT

9

2022
SNP en prolificidad Caprinos

10



MARCADORES NUCLEARES-MITOCONDRIAL

MARCADORES SNPs-GENOMAS

Proyectos de Investigación Básica 2020-01

Modalidad : Básica Semilla

Monto total del Proyecto : S/ 100,000
(Cien mil 00/100 soles)

Periodo de Ejecución
18 meses
2020-2022



UNIVERSIDAD NACIONAL AGRARIA
LA MOLINA



UNSAAC
Universidad Nacional de San Antonio Abad del Cusco

1 Introducción

Importancia de los cuyes

SOCIAL

Construcción de nuestra identidad



(1)

Domesticación 5 000 A.C
Usos en rituales y ceremonias



(2)

SEGURIDAD ALIMENTARIA

Fuente ideal de proteína

Table 9. Chemical composition of guinea pig meat according to genotype, age and muscle origin.

Genotype/category	Moisture	Dry matter	Protein	Fat	Ash
General	70.6	29.4	20.3	7.8	0.9
Peru	74.41	25.59	19.34	4.16	1.16
Andina	73.90	26.10	19.26	4.89	1.09
Inti	73.76	26.24	19.14	5.06	1.11
Inka	73.84	26.17	20.36	4.09	1.13
Merino	75.58	24.42	18.86	2.66	1.13
Criollo	73.61	26.39	19.80	4.29	1.13

(3)

Animal de compañía



(4)

MODELO ANIMAL EXPERIMENTAL

Campo de estudio	Tipos de estudios
Inmunología	Alergia, Inflamación, Cáncer
Cardiología	Metabolismo lipídico, aterosclerosis, desarrollo cardiovascular
Metabolismo	Modulación de la composición grasa corporal, metabolismo lipídico, Diabetes
Infectología	Infecciones gástricas, urinarias y dérmicas
Neurobiología	Autismo, desarrollo neuronal
Oftalmología	Miopía, regulación de la curvatura corneal y glaucoma
Toxicología	Estudio de efectos tóxicos de pesticidas y fármacos

(3)

Conservación, seguridad alimentaria y cambio climático

- Metas Aichi
- Iniciativa One Health
- El Plan de acción mundial para los recursos zoogenéticos.
- ODS 2.5.1b y ODS 2.5.2

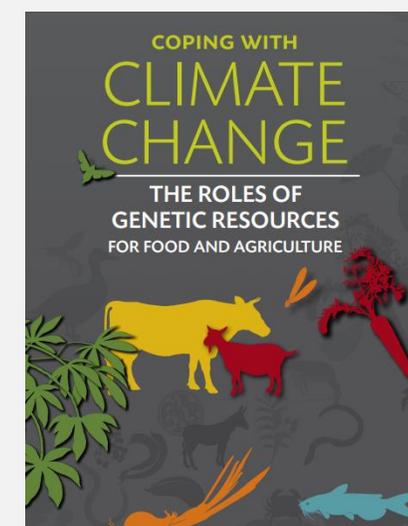
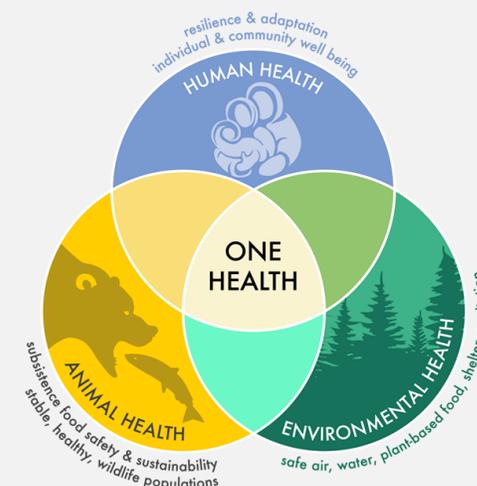
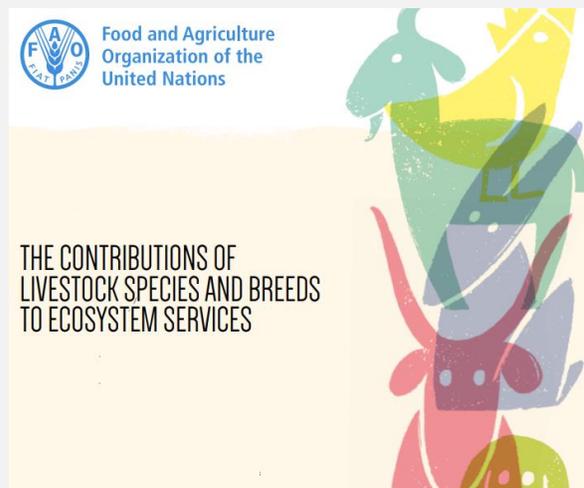
Strategic Goal C: To improve the status of biodiversity by safeguarding ecosystems, species and genetic diversity



Target 13

By 2020, the genetic diversity of cultivated plants and farmed and domesticated animals and of wild relatives, including other socio-economically as well as culturally valuable species, is maintained, and strategies have been developed and implemented for minimizing genetic erosion and safeguarding their genetic diversity.

El estudio de la diversidad de los cuyes nativos se estudia dentro del contexto de la conservación para asegurar la seguridad alimentaria futura y en la toma de decisiones frente a los retos del cambio climático y la falta de recursos futuros.



2 Objetivos

Objetivo general

Determinación de la diversidad y estructura genética mediante el estudio de Polimorfismos de Nucléotido Simple (SNPs, del inglés *Single nucleotide polymorphisms*) e identificación de variantes genéticas relacionadas con la adaptación a diferentes pisos altitudinales utilizando tecnologías de secuenciamiento de nueva generación (NGS).



Objetivos específicos

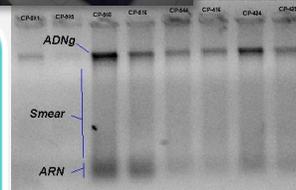
- Seleccionar muestras y extraer de ADN genómico de cuyes nativos.
- Genotipar por secuenciamiento de nueva generación (GBS)
- Analizar la dinámica poblacional a partir de los datos de genotipado.
- Identificar SNPs en relación al piso altitudinal y el hábitat al que pertenecen.

3 Metodología

Selección de muestras biológicas



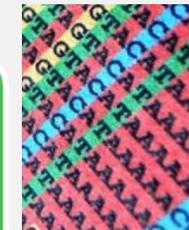
Análisis de cantidad y calidad del ADN



NGS-Illumina HiSeq



Análisis bioinformático



SELECCIÓN DE MUESTRAS BIOLÓGICAS



Perú



Inti



Andina



CUY TIPO 1



CUY TIPO 2



CUY NATIVO DE JUNÍN RUANO



CUY NATIVO DE CAJAMARCA COLOR MORO



CUY TIPO 3



CUY TIPO 4

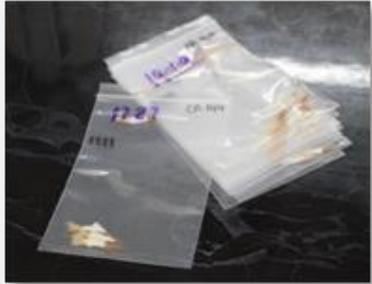


CUY NATIVO DE CUSCO GRIS



CUY NATIVO DE PUNO (remolino cabeza)

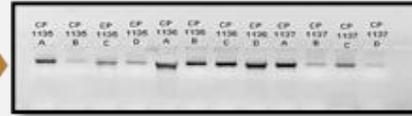
- Las muestras de pelo de cuyes fueron colectadas durante los años 2016-2018 en 6 departamentos del Perú (Cajamarca, Puno, Junín, Huancavelica, Cusco y Apurímac)
- Colección de ADN de Animales de Granja del Laboratorio de Biología Molecular y Genómica de la Dirección de Recursos Genéticos y Biotecnología
- Base de datos **SIMAGRA** (Sistema Molecular de Animales de Granja)



Almacenamiento de muestras de folículos pilosos



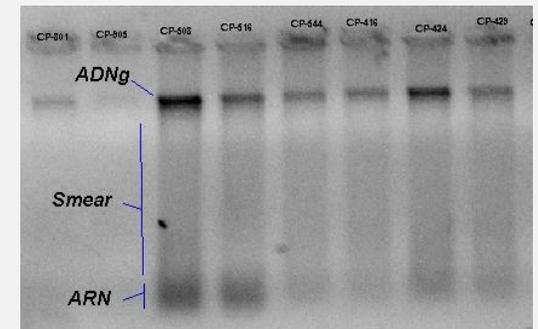
Extracción de ADN mediante protocolos estandarizados en el laboratorio (cloroformo)

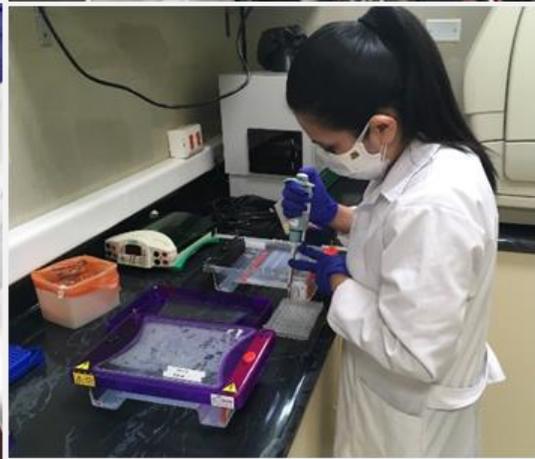
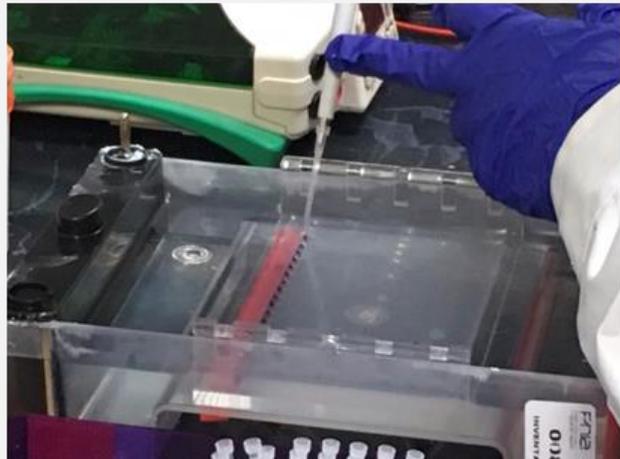
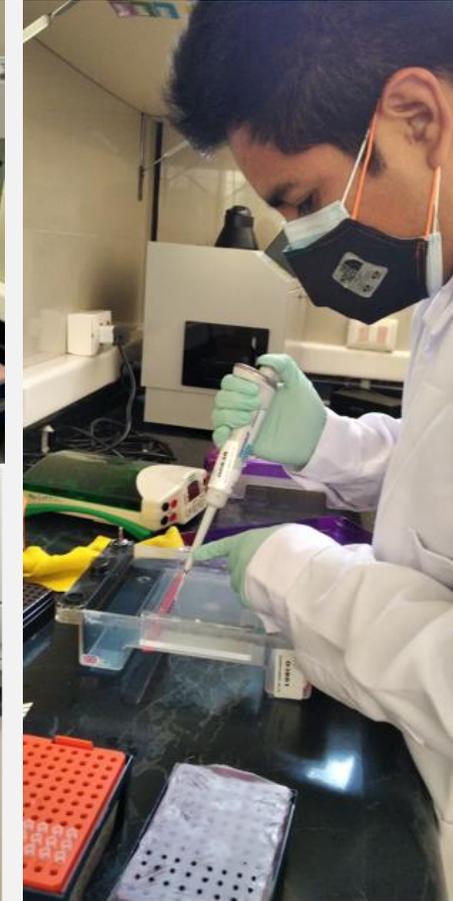
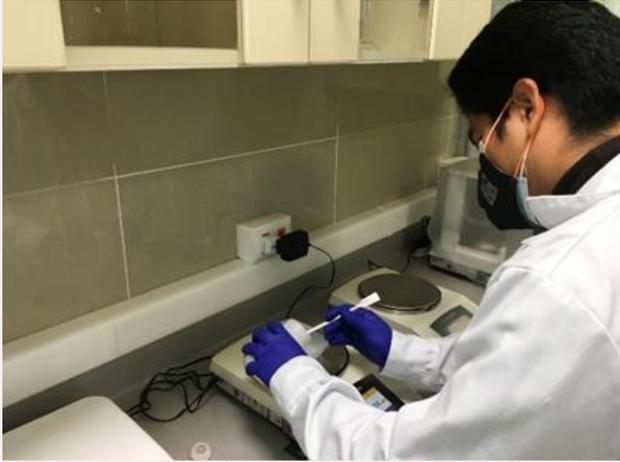


- Cuantificación y verificación de la calidad de ADN
- Homogenización de concentración a 20-30 ng/ul



Almacenamiento de ADN a -80°C





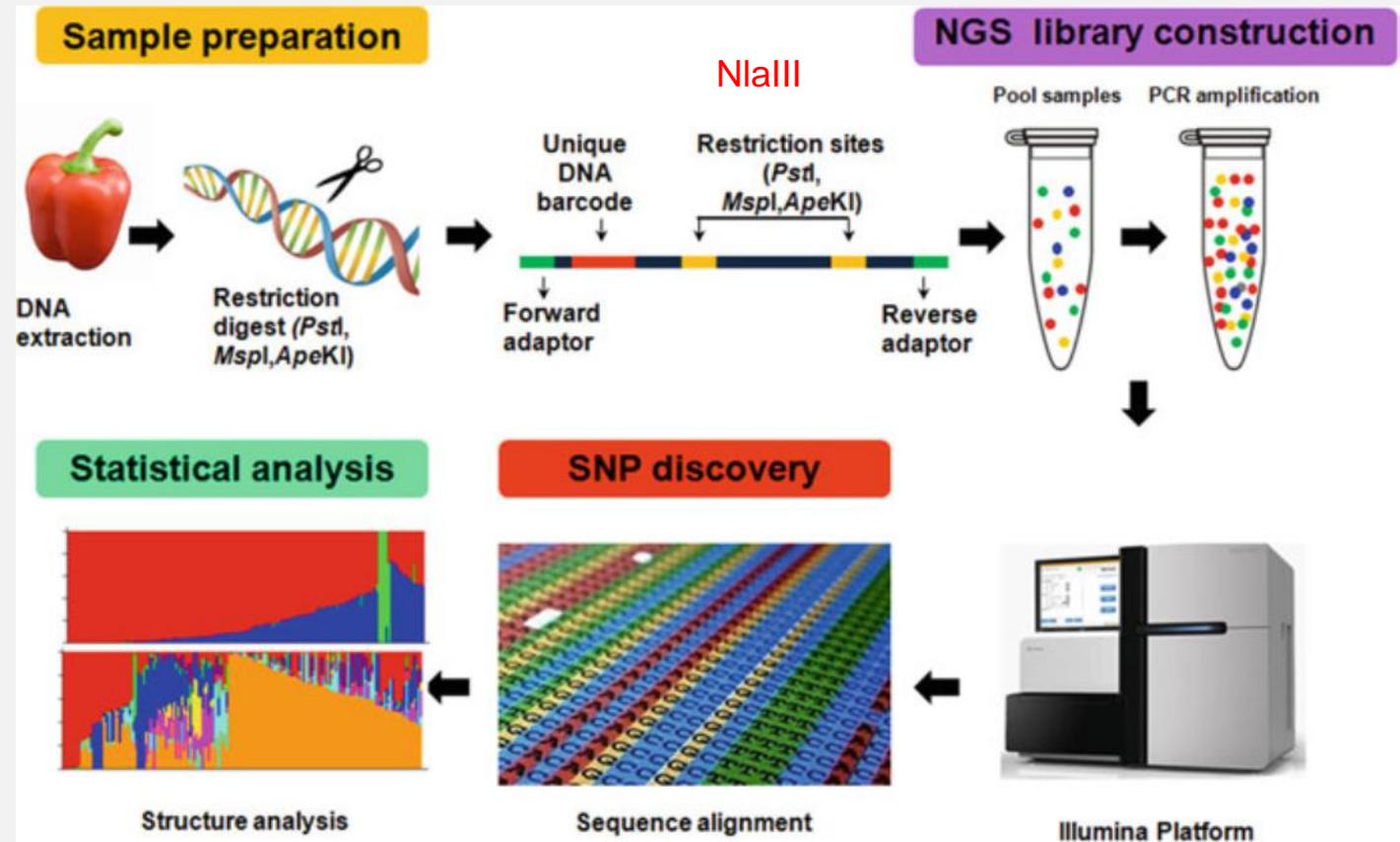
Genotipado por secuenciación (GBS, *Genotyping by Sequencing*)

Esta técnica permite determinar las diferencias en la composición genética de los individuos combinando el genotipado y el NGS.



Aplicaciones

- Descubrimiento de marcadores genéticos
- Identificación de haplotipos
- Caracterización de QTLs
- Estudios de asociación GWAS
- Estudios de selección genética



Equipos para el procesamiento de datos



Servidor BioAnimal

Marca: HPE
Modelo: ProLiant ML350 Gen10
CPU: 2 procesadores Intel Xeon Gold 5118 (12 Core) 2.30 GHz
Memoria RAM: 160GB
Almacenamiento: 2 x 2.4TB SAS 1 x 240GB SATA SSD

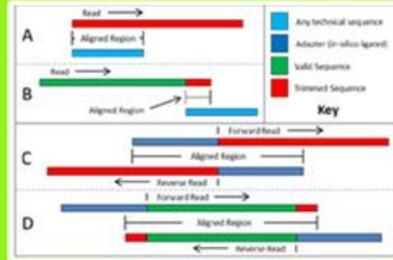
Aymuray

Cluster de alto Rendimiento

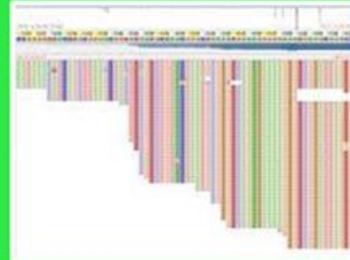
ANÁLISIS BIOINFORMÁTICO (I)



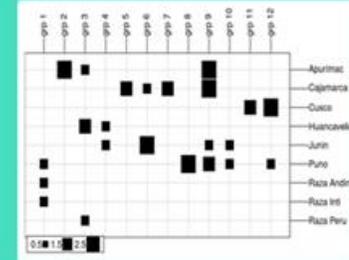
fastQC
Análisis de calidad



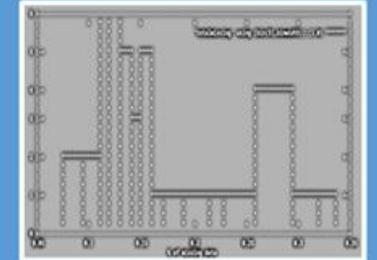
Trimmomatic
Trimado de secuencias



BWA
Alineamiento de secuencias



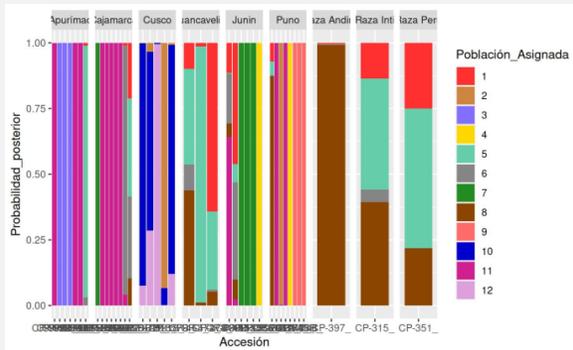
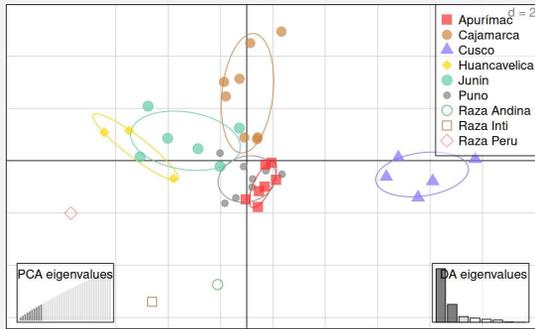
STACKS
Genotipado e identificación de variantes



VCFtools
Control de calidad de variantes



ANÁLISIS BIOINFORMÁTICO (II)



Análisis de dinámica poblacional

Datos Geográficos

Análisis de diversidad

Corroboración de análisis

Preparación de Mapas raster

Variables climáticas

adegenet

hierfstat

snpReady

QGis

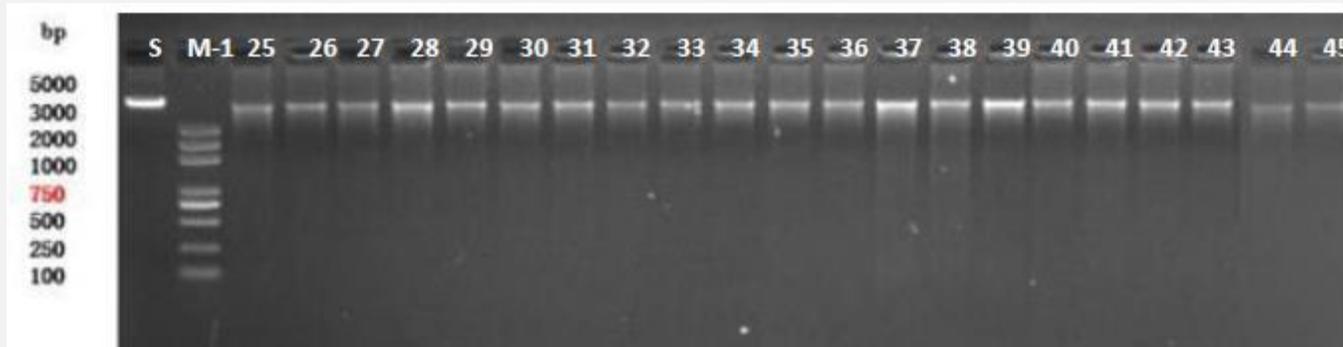
Samβada

BAYESCENV

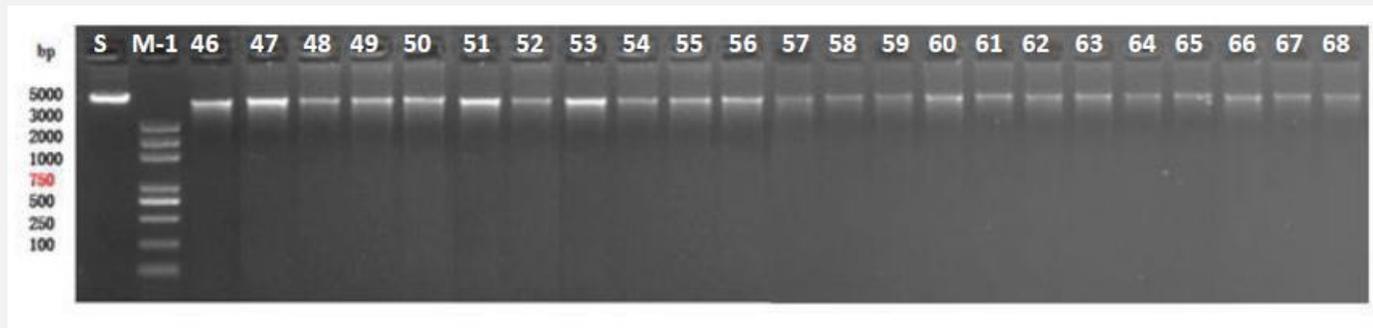


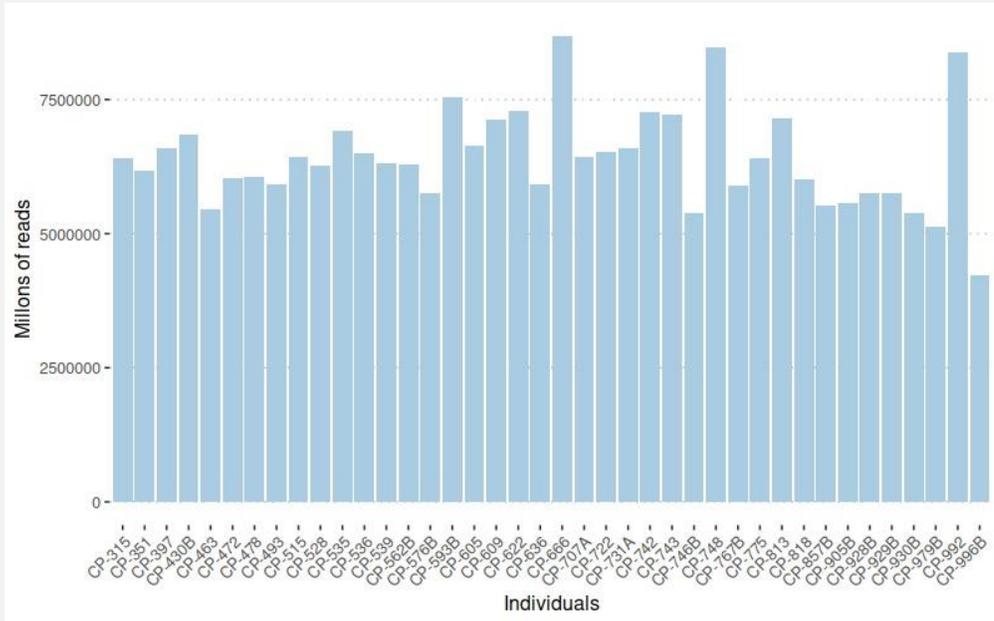
4 Resultados preliminares

Resultados preliminares

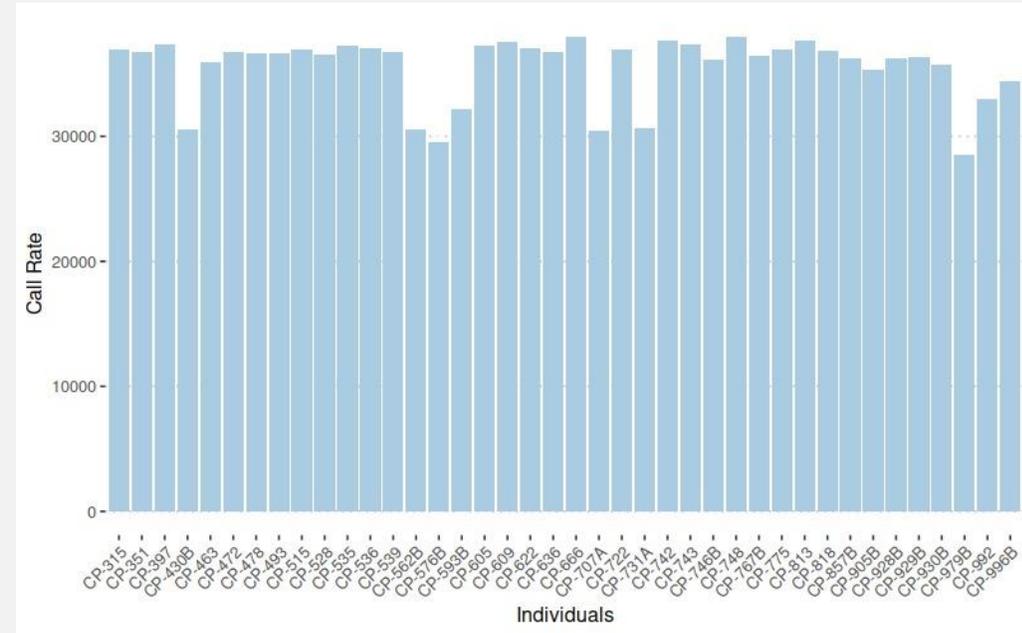


La calidad de ADN a partir de pelo fueron óptimas para el GBS.





Cantidad de lecturas por individuo.



Call rate por individuos.

En 40 muestras con una tasa de mapeo de 88.53% y una tasa de error de 0.032%

Resultados preliminares

- Se identificaron 39,232 SNPs válidos para el análisis de diversidad genética (n=40)
- Se determinó la heterocigosidad; siendo $H_o=0.1216$ y $H_e=0.3918$, indicando un déficit de heterocigotos.
- El promedio de diversidad genética total (H_t) fue 0.3957, siendo esta cantidad mayor a la reportada en ganado vacuno, ovino y equino (Gurgul 2019).
- Los índices de diversidad genética interpoblacional indicaron endogamia y $F_{is}=0.6896$.

	Promedio	Mínimo	Máximo
GD	0.39	0.02	0.50
PIC	0.31	0.02	0.38
MAF	0.31	0.01	0.50
H_o	0.12	0.12	0.13
F	0.69	0.67	0.69

H_o	H_s	H_t	F_{is}
0.1216	0.3957	0.3957	0.6869

En proceso

- Secuenciamiento de 55 muestras adicionales.
- Análisis con relación a variables geográficas y climáticas .
- Comparación con el genoma de cuy Perú.



Indicadores del proyecto

Indicador	Producto
Número de artículos presentados en revistas indizadas	Se ha presentado 01 artículo (<i>Short communication</i>) en la revista Indizada <i>Animal Genetics</i>
Tesis para optar el título profesional presentada para la sustentación	Presentación de la tesis de pre grado. “Análisis de la diversidad genómica y estructura poblacional de cuyes no mejorados (<i>Cavia porcellus</i>) en la sierra del Perú” UNALM . Bach. Maria Victoria Borja Lozano.
Ponencia de resultados en evento nacional y/o Internacional	Avances preliminares fueron presentados en el primer Simposio de Estudiantes Hispanohablantes de Bioinformática y Biología Computacional (SEH2Bioinfo 2022)
Fortalecimiento de Capacidades en Bioinformática	<ul style="list-style-type: none"> • Formación académica de Jóvenes en Bioinformática. • Fortalecimiento de las líneas de investigación de la DRGB y de las Universidades Colaboradoras.

Participación en eventos

Simposio de Estudiantes Hispanohablantes de Bioinformática y Biología Computacional

Identificación de polimorfismos de nucleótido simple en cuyes (*Cavia porcellus L*) de las zonas altoandinas del Perú a través de genotipado basado en secuenciamento (GBS)

Maria Victoria Borja Lozano¹, Bianca Vigil Santillan¹, Manuel J. More Montoya², Jonathan A. Morón Barrera³, Aura Liza García-Serquén¹, Gustavo Gutiérrez Reynoso¹, Claudia E. Yalta-Macedo¹

1 Laboratorio de Biología Molecular y Genómica, Dirección de Recursos Genéticos y Biotecnología, Instituto Nacional de Innovación Agraria (INIA), Av. La Molina 1981, 15004 Lima, Perú.
 2 Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de San Antonio Abad del Cusco, Av. de la Cultura 733, Cusco, Perú.
 3 Instituto de Bioquímica y Biología Molecular y Facultad de Zootecnia, Universidad Nacional Agraria La Molina (UNALM), Av. La Molina s/n, 15004 Lima, Perú.

Introducción
 El cuy es un mamífero nativo sudamericano, conocido por su gran capacidad de adaptación a diversas condiciones climáticas; así mismo, es considerado Por la FAO, un producto animal valioso para la seguridad alimentaria, debido a su alto valor nutricional. Por ello, su caracterización genómica es importante a fin de conocer su potencial genético y se puedan desarrollar futuras iniciativas a fin de asegurar su manejo y conservación. La utilización de tecnologías de secuenciamento de alto rendimiento han sido utilizadas en el estudio genómico especies nativas del Perú como en algas, pero a la fecha no se ha empleado en investigaciones sobre cuyes peruanos.

Objetivo
 Identificar polimorfismos de nucleótido simple (SNPs) utilizando la técnica de Genotipado por secuenciamento (GBS) para estudiar la diversidad genómica de cuyes peruanos de zonas altoandinas del país.

Materiales y métodos
 ADN genómico de 37 muestras de pelos de cuyes de zonas altoandinas peruanas de 6 departamentos y 3 muestras de razas.

Figura 1. Ejemplar de cuy nativo peruano utilizado en el estudio

Figura 2. Flujograma de Metodología usada para el análisis de GBS en cuyes.

Resultados

- Después de la calidad de secuenciamento se generó 39 232 SNPs, en las 40 muestras de cuyes.
- Los valores de Heterocigosidad observada y esperada (Ho y Ha) indicaron la existencia de un déficit de heterocigosidad.
- El promedio de diversidad genética total Ht fue 0.3067, mayor a la reportadas en ganado vacuno, ovino y equino (Gurpal 2019).
- Finalmente, el valor de diversidad genética interpopulacional Fst fue 0.0039 y el valor Fis, fue de 0.6896, indicando endogamia.

Tabla 1. Parámetros de los SNPs identificados

Ho	Ha	Ht	Fst	Fstp	Htp	Fis	Dest	FIC	MAF
0.1216	0.3957	0.3957	0.0099	0.0111	0.3962	0.6869	0.0073	0.31	0.31

Conclusiones
 Estos resultados iniciales sugieren que el protocolo de GBS es útil para generar gran cantidad de SNP, con valores de Heterocigosidad y MAF mayores a las reportadas en otras especies. La inclusión de razas de cuyes en el análisis, podría estar generando una sobreestimación de estos valores, puesto que la selección artificial genera alteraciones en la cantidad de heterocigosidad. Estos son los primeros resultados de la aplicación de GBS como una tecnología alternativa para estudios de diversidad genómica en especies nativas poco estudiadas. Un mayor número de muestras serán incluidas en un análisis final.

Agradecimientos: Este trabajo es financiado por el proyecto "Explorando la diversidad genómica de cuyes nativos peruanos (*Cavia porcellus*) de zonas altoandinas, una visión para la conservación de Recursos Zoológicos del Perú" CONVENIO N° 125-2020-FONDECYT

Referencias
 Gurpal, A., Mishra-Ghoshika, A., Samalinda, T., Jaiswal, L., Piestryńska-Kajuch, A., Fornal, A., ... & Bugno-Potewierńska, M. (2019). Genotyping-by-sequencing performance in selected livestock species. *Genomics*, 111(2), 186-195.

https://sehb2bioinfo.netlify.app
 inb, dreamgenetics, scb

Presentación para sustentación de Tesis de licenciatura

UNIVERSIDAD NACIONAL AGRARIA LA MOLINA FACULTAD DE ZOOTECNIA

"ANÁLISIS DE LA DIVERSIDAD GENÓMICA Y ESTRUCTURA POBLACIONAL DE CUYES NO MEJORADOS (*Cavia porcellus*) EN LA SIERRA DEL PERÚ"

TESIS PARA OPTAR EL TÍTULO PROFESIONAL DE INGENIERA ZOOTECNISTA

MARIA VICTORIA BORJA LOZANO

LIMA - PERÚ

2022

La UNALM es titular de los derechos patrimoniales de la presente investigación (Ley 14 - Reglamento de Propiedad Intelectual)

Presentación para Publicación revista indizada

ANIMAL GENETICS Immunogenetics, Molecular Genetics and Functional Genomics

Use of Genotyping-by-sequencing (GBS) for Single Nucleotide Polymorphism (SNP) discovery in guinea pigs (*Cavia porcellus L*) from the Peruvian Andes

Journal:	<i>Animal Genetics</i>
Manuscript ID	Draft
Manuscript Type:	Short Communication
Date Submitted by the Author:	n/a
Complete List of Authors:	Borja, Maria ; Instituto Nacional de Innovación Agraria (INIA), Laboratorio de Biología Molecular y Genómica, Dirección de Recursos Genéticos y Biotecnología, Dirección de Recursos Genéticos y Biotecnología; Universidad Nacional Agraria La Molina (UNALM), Instituto de Bioquímica y Biología Molecular y Facultad de Zootecnia Vigil, Bianca; Instituto Nacional de Innovación Agraria (INIA), Laboratorio de Biología Molecular y Genómica, Dirección de Recursos Genéticos y Biotecnología, More, Manuel ; Universidad Nacional de San Antonio Abad del Cusco, Facultad de Ciencias Agrarias Moron, Jhonatan ; Universidad Nacional Agraria La Molina (UNALM), Facultad de Zootecnia Garcia-Serquen, Aura; Instituto Nacional de Innovación Agraria (INIA), Laboratorio de Biología Molecular y Genómica, Dirección de Recursos Genéticos y Biotecnología, GUTIERREZ, GUSTAVO; Universidad Nacional Agraria La Molina, Instituto de Bioquímica y Biología Molecular y Facultad de Zootecnia Yalta-Macedo, Claudia; Instituto Nacional de Innovación Agraria, Laboratorio de Biología Molecular y Genómica, Dirección de Recursos Genéticos y Biotecnología
Keywords:	Genotyping by Sequencing, SNP, <i>Cavia porcellus</i> , Peru

5 Conclusiones

Comentarios finales

- Para el almacenamiento de ADN a -80°C y para estudios de GBS, es necesario, que estén libres de contaminantes y RNAsa.
- Se identificaron 39,232 SNPs válidos para el análisis de diversidad genética.
- El resultado de Heterocigosidad bajo podría atribuirse a la endogamia.
- Este es el primer reporte de análisis de SNPs a mediante el método de GBS en cuyes.
- El presente proyecto ha permitido la formación y fortalecimiento de jóvenes mujeres en bioinformática.

Equipo técnico-Administrativo del Proyecto



Claudia E. Yalta -Macedo
Blga. Genetista y Biotecnóloga
Instituto Nacional de Innovación Agraria



Aura Liz Garcia Serquén
Especialista de Recursos Genéticos
Instituto Nacional de Innovación Agraria



Manuel Jose More Montoya
PhD en Ciencia Animal
Universidad Nacional San Antonio Abad de Cusco UNSAAC



Jonathan Alejandro Morón Barraza
Magister Scientiae en Producción Animal
Universidad Nacional Agraria La Molina



Gustavo Gutierrez Reynoso
PhD Mejoramiento y Genética Animal
Universidad Nacional Agraria La Molina



Maria Victoria Borja Lozano
Tesista de Pregrado
Universidad Nacional Agraria La Molina



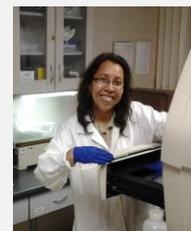
Yris Tenazoa Armas
Apoyo Técnico
Subdirección de Biotecnología
Instituto Nacional de Innovación Agraria



Juan Arango
Apoyo Técnico
Subdirección de Biotecnología
Instituto Nacional de Innovación Agraria



Adolfo Álvarez
Apoyo Administrativo
Subdirección de Biotecnología
Instituto Nacional de Innovación Agraria



Dina Lida Gutierrez Reynoso, PhD
Directora de la Subdirección de Biotecnología
Instituto Nacional de Innovación Agraria

Agradecimientos



Al equipo de investigación del Laboratorio de Biología Molecular y Genómica del INIA



A los investigadores que fueron parte del equipo Biotecnología Animal.



A los criadores que conservan los cuyes y el mantenimiento de la tradición cultural.



GRACIAS

Contacto: cyalta@inia.gob.pe



PERÚ

Ministerio
de Desarrollo Agrario
y Riego



Instituto Nacional de Innovación Agraria



1

Antecedentes del grupo de investigación

Conservación del Bovino Criollo

Estudios de diversidad y filogenia

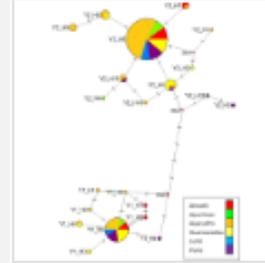


Caracterización genética de proteínas lácteas

ELSEVIER Livestock Science Volume 244, February 2021, 104376

Paternal ancestry of Peruvian creole cattle inferred from Y-chromosome analysis

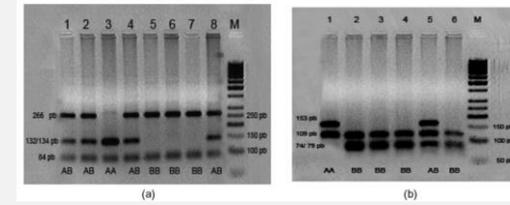
Claudia E. Yalta-Macedo^a, Eudasio A. Veli^a, Gerardo R. Díaz^a, Adriana Vallejo-Trujillo^b



Animal Genetic Resources, 2010, 46, 67-72. © Food and Agriculture Organization of the United Nations, 2010 doi:10.1017/S207863610000718

Caracterización genética de Kappa caseínas y Beta lactoglobulinas del bovino criollo de cuatro comunidades andinas del Perú

E. Veli¹ y E. Rivas^{1,2}

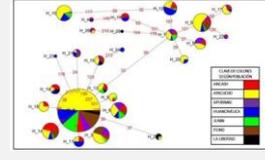


Actas Iberoamericanas de Conservación Animal AICA 4 (2014) 68-70

DIVERSIDAD GENÉTICA MITOCONDRIAL EN POBLACIONES DE BOVINOS CRIOLLOS PERUANOS

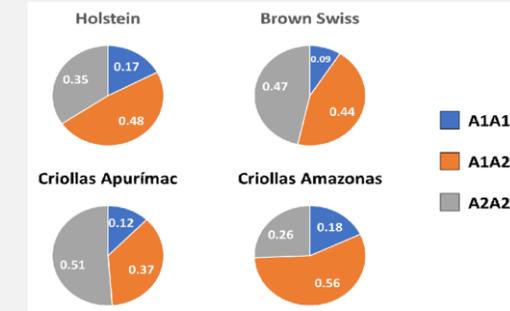
MITOCHONDRIAL GENETIC DIVERSITY IN PERUVIAN CREOLE CATTLE POPULATIONS

Vallejo A.R.^{1,2*}, Risco R.^{2,3}, Yalta C.², Veli E.²



232_PI "IDENTIFICACIÓN DE PROTEÍNAS LÁCTEAS ASOCIADAS A CARACTERÍSTICAS DE IMPORTANCIA EN LA INDUSTRIA LECHERA"

Tesis de licenciatura en desarrollo

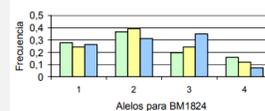


Caracterización genética de la proteína beta-caseína en bovinos criollos

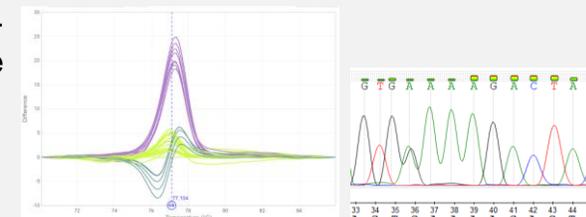
VARIABILIDAD GENÉTICA DE BOVINOS CRIOLLOS DE PERÚ UTILIZANDO MARCADORES MICROSATÉLITES

GENETIC VARIABILITY OF CRIOLLO CATTLE OF PERU USING MICROSATELLITE MARKERS

Aquino Y.N., E.A. Veli, E. Rivas Seoane, V. Rivas Palma y R. Estrada



Caracterización genética de las proteínas αS1-caseína y αS2-caseína en bovinos criollos y de raza

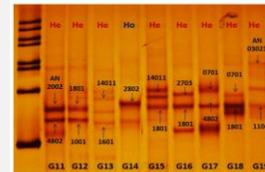


Actas Iberoamericanas de Conservación Animal AICA 4 (2014) 129-131

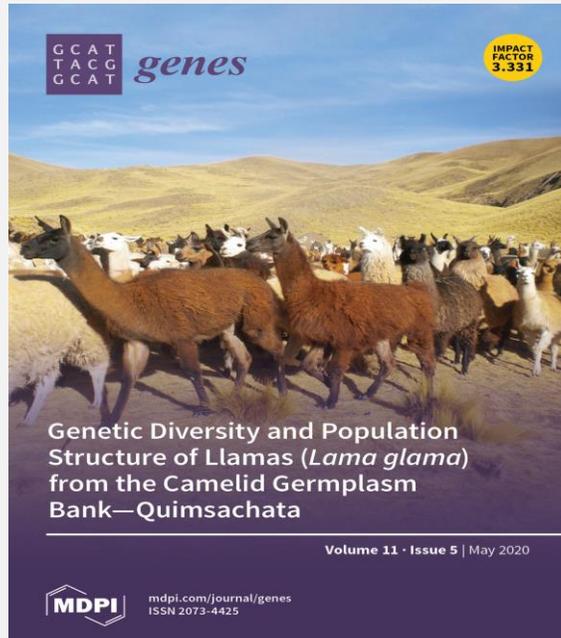
POLIMORFISMOS DEL GEN BoLA DRB3 – exón 2 en BOVINOS CRIOLLOS PERUANOS MEDIANTE EL MÉTODO SSCP

DETECTION OF BoLA DRB3 -2 GENETIC POLIMORPHISM IN PERUVIAN CREOLE CATTLE BY SSCP

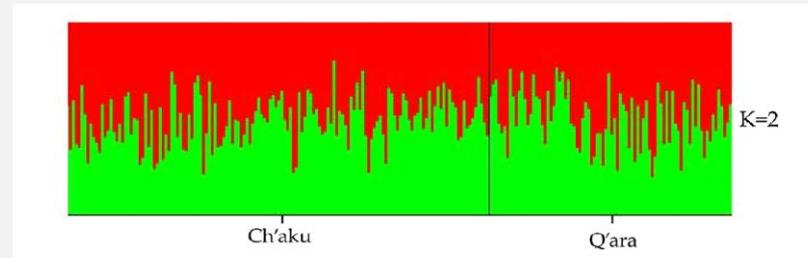
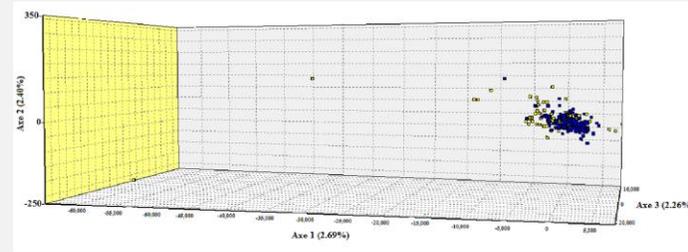
Vallejo A.R.^{1,2*}, Poquioma V.³, Yalta C.², Veli E.²



Camélidos



Gabriela F. Paredes 1,*,†, Claudia E. Yalta-Macedo, Gustavo A. Gutierrez and Eudocio A. Veli-Rivera 1,*



Estructuración poblacional y proporción de ancestría mediante el análisis factorial de correspondencia y análisis Bayesiano

INVESTIGACIÓN ORIGINAL / ORIGINAL RESEARCH

Salud tecnol. vet. 2014;2: 134-145.

Variabilidad genética y detección de error en filiación utilizando microsatélites en dos rebaños de alpacas Huacaya (*Vicugna pacos*).

Genetic variability of Peruvian Alpacas (*Vicugna pacos*) by using microsatellite markers.

Claudia Yalta¹, Giovanna Sotil², Eudocio Veli¹

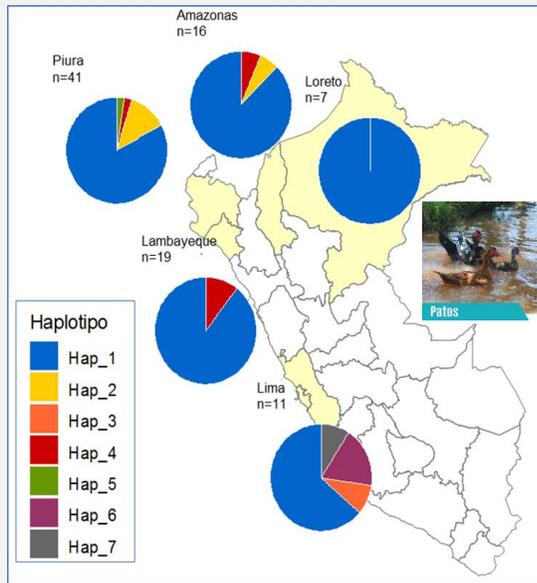
Tabla 6. Probabilidad de exclusión combinada (PEC) en términos de número de microsatélites usados ordenados de mayor a menor PE

STR	1*	2*	3*	4*	5*	6*	7*	8*	9*	10*
YWLL08	0,885	0,885	0,885	0,885	0,885	0,885	0,885	0,885	0,885	0,885
YWLL44		0,736	0,736	0,736	0,736	0,736	0,736	0,736	0,736	0,736
LCA37			0,729	0,729	0,729	0,729	0,729	0,729	0,729	0,729
YWLL36				0,721	0,721	0,721	0,721	0,721	0,721	0,721
LCA8					0,701	0,701	0,701	0,701	0,701	0,701
LCA66						0,689	0,689	0,689	0,689	0,689
LCA90							0,674	0,674	0,674	0,674
VOLP92								0,664	0,664	0,664
LCA94									0,642	0,642
LCA5										0,584
PEC	0,885	0,96964	0,991772	0,997705	0,999314	0,999787	0,99993	0,999977	0,999992	0,999997

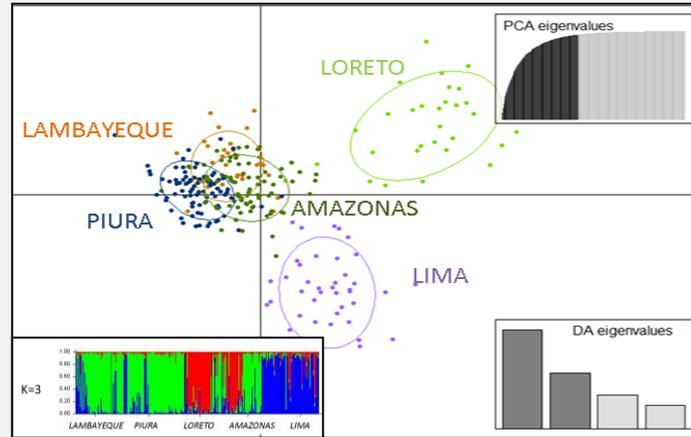
*Numero de Loci

Caracterización de los recursos zoogenéticos nativos y naturalizados de importancias para la seguridad alimentaria del Perú.

- Este estudio analiza la diversidad y estructura de un recurso zoogenético nativo (pato criollo) y tres recursos zoogenéticos naturalizados: (ovino, caprino y porcino), utilizando marcadores microsatélites y mitocondriales (citocromo b y región control).
- Los resultados permitieron el desarrollo un Plan de Conservación y Gestión Sostenible de los Recursos Zoogenéticos estudiados.



Distribución de las frecuencias de haplotipos con marcador del gen mitocondrial citocromo b de patos.



Estructuración poblacional y proporción de ancestría mediante PCA en poblaciones de patos nativos utilizando 25 marcadores microsatélites.



Revista peruana de biología 27(2): 255 - 260 (2020)
doi: <http://dx.doi.org/10.15381/rpb.v27i2.15015>
ISSN-L 1561-0837; eISSN: 1727-9933
Universidad Nacional Mayor de San Marcos

NOTA CIENTÍFICA

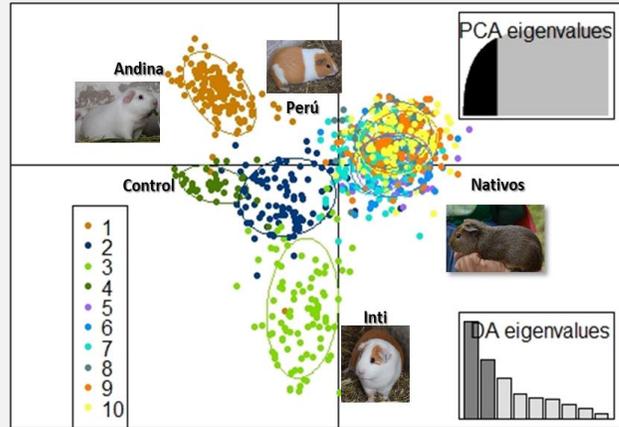
Presentado: 12/02/2019
Aceptado: 23/07/2019
Publicado online: 25/05/2020
Editor:

Transferibilidad de marcadores microsatélites de *Anas platyrhynchos* al pato criollo peruano *Cairina moschata domestica*

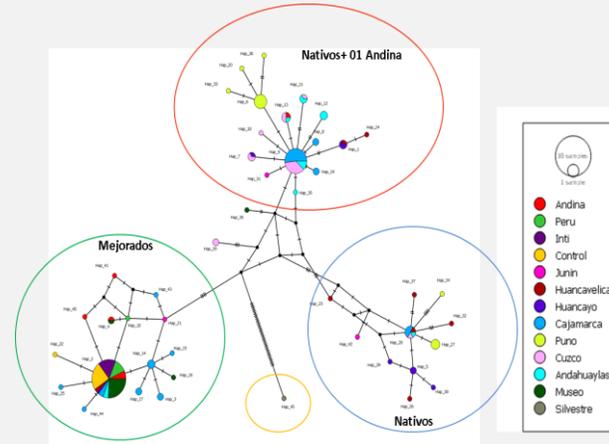
Cross species transferability of microsatellite markers from *Anas platyrhynchos* to Peruvian Muscovy Duck *Cairina moschata domestica*

Resumen

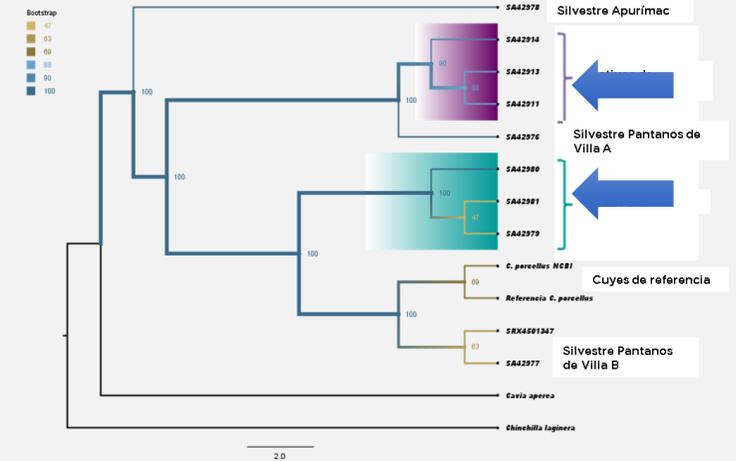
Cuyes



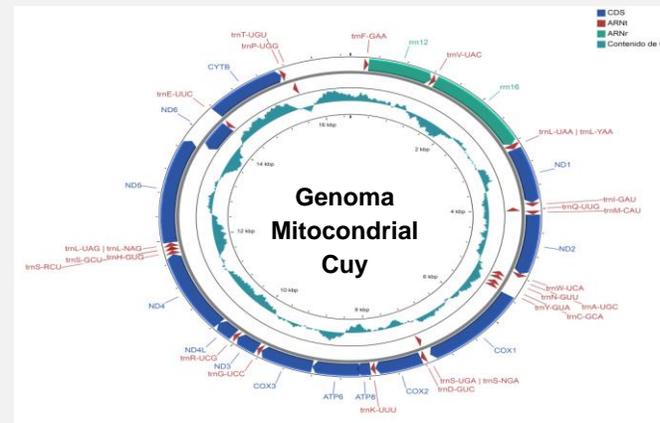
Estructura poblacional mediante un análisis discriminante de componentes principales en poblaciones de cuyes mejorados y nativos (Apurímac, Cusco, Puno, Cajamarca, Junín y Huancavelica) utilizando 28 marcadores microsatélites



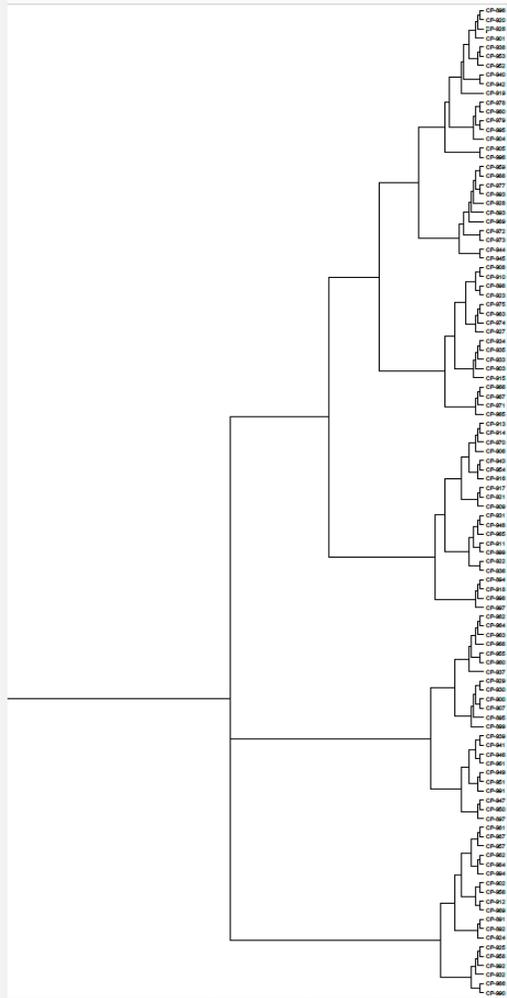
Red de haplotipos de cuyes mejorados y nativos determinados al analizar el gen Citocromo b mitocondrial. Se determinaron 3 haplogrupos importantes.



Dendrograma de genomas mitocondriales. Se observa que la Raza Perú (INIA) presenta una distancia filogenética marcada con los cuyes nativos de Apurímac y agrupa con secuencias de *Cavia porcellus* de referencia.



Comparación a nivel de mitogenomas de *C. porcellus* (mejorado Raza Peru, nativo Andahuaylas) *C. tschudii* (Pantanos de villa) y *Cavia*. Sp (Andahuaylas).

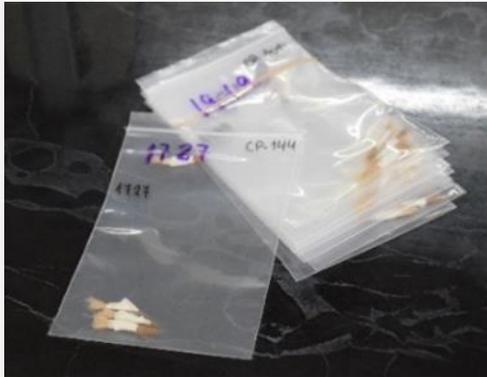


Selección de muestras biológicas

- Colección de ADN de Animales de Granja del Laboratorio de Biología Molecular y Genómica de la Dirección de Recursos Genéticos y Biotecnología DRGB-INIA.
- Base de datos SIMAGRA (SISTEMA MOLECULAR DE ANIMALES DE GRANJA) de la DRGB.
- Las muestras de pelo de cuyes fueron colectadas durante los años 2016 al 2019 en 6 departamentos del Perú (Cajamarca, Puno, Junín Huancavelica, Cusco y Apurímac).



Banco de ADN de cuyes mejorados y no mejorados



Almacenamiento de muestras de folículos pilosos



Extracción de ADN mediante protocolos estandarizados en el laboratorio



-Análisis de cantidad y calidad del ADN
- Preparación de diluciones (30 ng/ul)



Almacenamiento de ADN a -80°C

ADN de 964 muestras de cuyes de razas y nativos.