

N-5
2Ej



**UNIVERSIDAD NACIONAL AUTONOMA
DE MEXICO**

FACULTAD DE MEDICINA VETERINARIA Y ZOOTECNIA

DIVISION DE ESTUDIOS DE POSGRADO

**DESARROLLO DE INDICES DE SELECCION PARA
ALPACAS HUACAYA DEL C.E.
LA RAYA-UNSAAC-CUSCO-PERU**

T E S I S

**QUE PARA OBTENER EL GRADO DE:
MAESTRO EN PRODUCCION ANIMAL:
GENETICA
P R E S E N T A
CARMEN ROSA QUIRITA BEJAR**

ASESOR: M.V.Z. M.Sc. Ph.D. CARLOS SOSA FERREYRA



**MEXICO, D. F. TESIS CON
FALLA DE ORIGEN**

1994



Universidad Nacional
Autónoma de México



UNAM – Dirección General de Bibliotecas Tesis Digitales Restricciones de uso

DERECHOS RESERVADOS © PROHIBIDA SU REPRODUCCIÓN TOTAL O PARCIAL

Todo el material contenido en esta tesis está protegido por la Ley Federal del Derecho de Autor (LFDA) de los Estados Unidos Mexicanos (México).

El uso de imágenes, fragmentos de videos, y demás material que sea objeto de protección de los derechos de autor, será exclusivamente para fines educativos e informativos y deberá citar la fuente donde la obtuvo mencionando el autor o autores. Cualquier uso distinto como el lucro, reproducción, edición o modificación, será perseguido y sancionado por el respectivo titular de los Derechos de Autor.

**DESARROLLO DE INDICES DE SELECCION PARA ALPACAS
HUACAYA DEL C.E. LA RAYA-UNSAAC-CUSCO-PERU**

Tesis presentada para la obtención del grado de

MAESTRO EN PRODUCCION ANIMAL: GENETICA

Ante la División de Estudios de Posgrado

de la

Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia

de la

Universidad Nacional Autónoma de México

por

CARMEN ROSA QUIRITA BEJAR

Asesor :

M.V.Z. M.Sc. Ph.D. Carlos Sosa Ferreyra

México, D.F., 1994

DEDICATORIAS

A la memoria de mi padre Marcos Marcelino Quirita Yauri cuyo recuerdo y ejemplo me acompañan siempre.

A mi madre Cristina Béjar Enriquez y a mis hermanos Lidia Jesús, Edgar Marcelino, Elizabeth Victoria, Rosa Maritza, Doris Cristina y Kenny William, como muestra de cariño por todo lo que hacen por mí, por su ayuda y apoyo incondicional para cubrir una más de mis metas.

A Olmer Alexie, por ser la razón que me motiva a seguir adelante.

AGRADECIMIENTOS

A la Universidad Nacional de San Antonio Abad del Cusco - UNSAAC - Perú, por haberme brindado la oportunidad y el apoyo necesarios para culminar los estudios de maestría.

A la Dirección de Intercambio Académico de la Universidad Nacional Autónoma de México - UNAM por el apoyo económico brindado durante la realización de mis estudios.

Mi más profundo agradecimiento al Ph. D. Carlos Sosa Ferreyra por su amistad, ayuda y colaboración en la culminación de este trabajo.

Al Departamento de Genética y Bioestadística de la Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia de la UNAM, por preocuparse por mi formación académica y darme la oportunidad de ser parte activa de él, especial agradecimiento a los Drs. Graciela Tapia Pérez, Frida Salmerón Sosa, Elvia de la Cruz Robles y Raúl Ulloa Arvizú.

A todos los compañeros de generación, un agradecimiento especial a la Esp. Q.F.B. Rocio Villa Gonzáles y Biol. Refugio Córtes Fernández, gracias por todo.

A los miembros del jurado Dr. Pedro Ochoa Galván, Dr. Felipe Ruíz López, Dr. Rafael Nuñez Domínguez, Dr. Carlos Sosa Ferreyra y Dr. Raúl Ulloa Arvizú por sus valiosos comentarios, que enriquecieron el trabajo de tesis.

CONTENIDO

	página
LISTA DE CUADROS	v
RESUMEN	vii
I. INTRODUCCION	1
II. REVISION BIBLIOGRAFICA	2
2.1. Descripción del sistema de producción de alpacas en el Perú	2
2.2.1. Características productivas en alpacas	2
2.2. Variabilidad genética para producción de fibra y carne	3
2.2.1. Índice de herencia	3
2.2.2. Correlaciones genéticas entre peso vivo y peso de vellón	4
2.2.3. Repetibilidad	5
2.3. Métodos de selección	5
2.3.1. Índice de selección	7
2.3.1.1. Índice de selección familiar	9
2.3.2. Metodología del índice de selección	9
2.3.3. Respuesta correlacionada a la selección	12
III. OBJETIVOS	14
IV. MATERIALES Y METODOS	15
4.1. Localización y lugar de trabajo	15

4.2. De los animales	15
4.3. Del manejo y alimentación	16
4.4. Descripción de los datos	17
4.5. Análisis estadístico	20
4.5.1. Análisis para realizar ajustes para efectos no genéticos	20
4.5.2. Parámetros genéticos para peso destete y peso de vellón a la primera esquila	20
4.5.3. Índice de selección para dos características utilizando información del individuo	22
4.5.4. Índice de selección para dos características utilizando información familiar	22
V. RESULTADOS Y DISCUSION	26
5.1. Índice de selección	26
5.1.1. Selección considerando un índice con dos características en el individuo	26
5.1.2. Selección usando información familiar para mejorar dos características excluyendo al individuo del promedio de medias hermanas maternas	27
VI. CONCLUSIONES Y RECOMENDACIONES	29
VII. LITERATURA CITADA	31

LISTA DE CUADROS

Cuadro	Pág.
1. Heredabilidades estimadas en alpacas variedad Huacaya	33
2. Correlaciones genéticas estimadas en alpacas, para peso destete y peso de vellón a la primera esquila	33
3. Índice de constancia (r) para la característica peso de vellón	34
4. Número de registro de alpacas codificados para el estudio	34
5. Índice de herencia (h^2) para las características estudiadas	35
6. Índice de constancia (r) para las características estudiadas	35
7. Varianzas, covarianzas y correlaciones genéticas entre las distintas características	36
8. Varianzas, covarianzas y correlaciones fenotípicas entre las distintas características	36
9. Índices de selección más eficientes surgidos en el presente trabajo	37
10. Cambio genético directo (CGD) y correlacionado (CGC) por generación para P242 y Pv292 y correlación entre el índice y el valor genético agregado (Γ_T) para los distintos índices de selección hallados	37
11. Número de índices de selección con sus respectivos errores estándar según el tipo de información utilizada para P242 y Pv292	38

**Apendice I. Derivación del índice de selección para peso
destete y peso de vellón utilizando información
familiar**

39

RESUMEN

Carmen Rosa Quirita Béjar. Desarrollo de índices de selección para alpacas Huacaya del C.E. La Raya-UNSAAC-Cusco-Perú.(Bajo la dirección del Ph.D. Carlos Sosa Ferreyra).

Se analizaron 1138 registros productivos de alpacas Huacaya colectados en el Centro Experimental La Raya, UNSAAC-CUSCO-PERU, durante 1984-1988 con el objetivo de desarrollar un índice de selección económico considerando simultáneamente las características peso destete y peso de vellón a la primera esquila, utilizando información individual y familiar. Los parámetros genéticos para las distintas características fueron estimados por Quirita (1991) a partir de un modelo que incluyó los efectos fijos de año de nacimiento de la cría, número de parto, número de esquila, edad de la alpaca y como efecto aleatorio a la alpaca. Los estimadores de h^2 y rg fueron encontrados por un análisis de regresión cría - madre. Los estimadores de h^2 obtenidos fueron de 0.41 ± 0.14 y 0.31 ± 0.17 para peso destete como característica de la cría y peso de vellón a la primera esquila respectivamente, mientras que las correlaciones genética y fenotípica para peso destete y peso de vellón a la primera esquila fue de 0.333 ± 0.273 y -0.146 respectivamente. La repetibilidad para peso de vellón fué de 0.294 ± 0.034 . De los índices evaluados en el presente trabajo, aquel que consideró simultáneamente las características peso al destete (1) y peso de vellón a la primera esquila (2) en el individuo (X) y su madre (M) ($I_2 = 0.0883(X)_1 + 0.0297(M)_1 + 0.1177(X)_2 + 0.0734 (M)_2$), resultó ser más eficiente. La correlación entre el índice y el valor genético agregado fué de 0.50. El cambio genético por generación que se esperaría en peso destete sería de 1.4779 kg, acompañado de una ligera reducción en peso de vellón a la primera esquila de -0.0261 kg. Es importante notar que el uso de información familiar en el índice, incrementó la precisión de la misma.

I. INTRODUCCION

La alpaca es un camélido que evolucionó en la región andina y por lo tanto se adaptó a ella. Es un animal doméstico y constituye un recurso valioso de los Andes y en especial del Perú, por la producción de una fibra rara con características particulares y de carne de excelente calidad. De hecho el Perú aporta el 75% de la producción mundial de alpaca, constituyendo una alternativa importante para el desarrollo regional. Sin embargo, los niveles de productividad de fibra y carne actuales requieren ser mejorados.

La crianza de alpaca en el Perú es todavía conducida con prácticas tradicionales, lo que explica los bajos niveles productivos y reproductivos. Este ambiente y la composición genética de los animales, determinan las posibilidades de mejoramiento en la producción de fibra y carne a través de la selección.

El mejoramiento de dos o más características requiere de la determinación de los objetivos y criterios de selección, del conocimiento de los parámetros genéticos, fenotípicos y ambientales de dichos rasgos (o de sus estimadores), y de sus valores económicos relativos.

En la explotación de la fibra y carne de alpaca, a diferencia de la de otras especies domésticas, se cuenta con muy poca información acerca de los parámetros mencionados y aún no se ha obtenido ningún índice de selección ni algún otro método de evaluación para cada característica y menos para múltiples características.

II. REVISION DE LITERATURA

2.1. Descripción del sistema de producción de alpacas en el Perú

2.2.1. Características productivas en alpacas

Bajo la denominación de Camélidos Sudamericanos se engloba a dos especies domésticas, la alpaca y la llama y a dos silvestres, la vicuña y el guanaco.

Por las características de la fibra, existen dos variedades de alpacas, la Huacaya, cuya fibra es rizada con apariencia de lana y la Suri, de fibra lacia y lustrosa que semeja en cierto grado a Mohair o lana de lustre como de ovinos Lincoln, existiendo animales con características intermedias.

Los pesos al nacimiento de la alpaca variedad Huacaya, tanto en machos como en hembras, varían de 4.4 a 10.5 kg.; y al destete a los 9 meses de edad los machos alcanzan pesos de 27 kg. Los pesos vivos que alcanzan los machos son de 62 kg y las hembras 58.8 kg, en la edad adulta entre los 5 y 6 años de edad.

Los rendimientos de canal, dependen del estado fisiológico, edad, sexo y varían de 43% a 50%, con un promedio cercano al 46% en alpacas criadas en praderas y engordadas intensivamente durante 8 semanas en la Costa Central del Perú (Soto, 1989).

El peso de vellón sucio es de aproximadamente 1.070 kg, al año de edad y alcanzando 1.041 kg. entre esquilas, a los dos años.

La alpaca sea Huacaya o Suri, presenta fibra de color por pigmentación natural: los colores son: a) sólidos básicos, que son blanco, negro y castaño, este último en tonos que van desde crema, conocido en el comercio como LF (del inglés "light fawn"), hasta el café oscuro; b) mezclados o matizados, pudiendo ser gris, en tonos de claro a oscuro, según la proporción de los componentes blanco y negro; rosillo, también en tonalidades según la proporción de blanco y castaño o el grado de oscuridad de este último.

En virtud de que la fibra blanca es la más preciada, seguida de los colores claros, los productores de alpaca tienden a incrementar la proporción de los mismos. Aproximadamente el 30% del ganado alpacuno es blanco.

El largo de la fibra crecida en un año alcanza un longitud de mecha de 7 a 10 cm., suficiente para todo proceso textil moderno. La fibra de alpaca como materia prima tiene una finura media de 28μ , siendo posible distinguir lotes finos de 25μ y que suele llamarse "baby alpaca" y gruesos de 30μ muy variable (Villaruel, 1991).

2.2. Variabilidad genética para producción de fibra y carne

2.2.1. Índice de herencia

La posibilidad de lograr adelantos genéticos en una característica depende de la variabilidad que muestra dicha característica. El índice de herencia (h^2) es la medida de la fracción de la varianza total atribuible a diferencias genéticas aditivas entre animales (Turner y Young, 1969). Entre

más grandes son estas diferencias, más efectiva puede ser la selección.

Son muy pocos los estimadores de h^2 para peso al destete y peso de vellón a la primera esquila en alpacas bajo las condiciones alto andinas de Perú. En general los estimadores de h^2 para peso vivo varían de 0.22 a 0.69 y de 0.21 a 0.35 para peso de vellón. Por ejemplo Velasco (1981) reporta valores de h^2 para peso vivo de 0.69 y para peso de vellón 0.35 ± 0.02 en 106 pares madre-cría, por el método de regresión. Roque, Carpio y Blackwell (1985) utilizando la regresión hijo-progenitor encontraron h^2 de 0.27 ± 0.08 para peso vivo y 0.21 ± 0.07 para peso de vellón. Nolte (1987) encontró heredabilidades de 0.39 y 0.22 ± 0.35 para peso al destete y peso de vellón a la primera esquila, respectivamente. Choque y Rodríguez (1987) estimaron una h^2 para peso al destete y peso de vellón de 0.24 ± 0.54 y 0.48 ± 0.03 . Quirita, (1991), utilizando la regresión cría-madre estimó una h^2 para peso al destete de 0.41 ± 0.14 y de 0.31 ± 0.17 para peso de vellón a la primera esquila (Cuadro 1).

2.2.2. Correlaciones genéticas entre peso vivo y peso de vellón

La selección para o contra una característica, rara vez no interfiere con otras características. Los rasgos son a menudo genéticamente correlacionadas, y la selección para una puede resultar en incremento o disminución en otra u otras características. La correlación genética es la que hay entre los valores aditivos de cruzamiento para dos rasgos (g_1g_2) o la suma de los efectos génicos aditivos que influyen sobre ambos rasgos.

Las correlaciones genéticas son el resultado del pleitropismo, situación

en que un gen influye sobre ambos rasgos.

Existen pocos estudios en los que se han estimado las relaciones genéticas entre el peso al destete y el peso de vellón a la primera esquila. Por ejemplo Quirita (1991) halló una rg_{1g_2} de -0.333 ± 0.273 . Bustinza y Burfenning (1986) reportan un r_g de 0.25 para peso vivo y vellón. Por su parte Nolte (1987) encontró relaciones genéticas de -0.10 a 0.50 para peso vivo y peso de vellón a la primera esquila (Cuadro 2).

2.2.3. Repetibilidad

Se cuenta con muy poca información acerca de estimados de repetibilidad para características productivas en alpacas, así Apaza (1983) encontró una repetibilidad de 0.51 ± 0.44 para peso de vellón por el método de regresión y de 0.49 ± 0.03 por el método de correlación intra clases. Rodríguez e Iniguez (1976) encontraron una repetibilidad de 0.20 para peso de vellón. Quirita (1991) determinó una repetibilidad de 0.294 ± 0.034 para la misma característica (Cuadro 3).

2.3. Métodos de Selección

La selección es un proceso en el que se decide si un animal produce descendientes o no, y si el individuo se escoge como reproductor, cuantos descendientes producirá en comparación con otro posible reproductor. La respuesta máxima a la selección se logra identificando a los mejores prospectos de sementales y hembras con base en su valor genético y después

para producir la generación siguiente. La selección para más de un rasgo reduce la presión de la misma sobre cualquier carácter individual.

Existen diversos métodos para mejorar más de un rasgo en un programa de selección, a continuación se describen cada una de ellas:

a) Tandem. Este método de selección consiste en seleccionar un rasgo a la vez, hasta alcanzar un nivel satisfactorio, luego se considera un segundo rasgo, etc. La eficiencia de este método depende de las relaciones genéticas entre los rasgos. Si hubieran relaciones negativas, la selección subsecuente para un segundo rasgo podría anular todo el progreso logrado en las selecciones previas; por supuesto, si las correlaciones entre los caracteres son positivas, significa que la selección para uno de ellos mejoraría a los correlacionados (Falconer, 1970).

b) Niveles de selección independientes. Consiste en seleccionar simultáneamente en relación con todos los caracteres pero en forma independiente, rechazando a los individuos que no cumplan con cierto estándar para la característica sin hacer ninguna consideración de los otros caracteres. La mayor desventaja de este método es que la superioridad de un rasgo no tiene la posibilidad de compensar la falta de mérito de otro (Warwick y Legates, 1990).

c) Registro total o índice de selección. Este método permite sumar los méritos y deméritos para cada rasgo y llegar a una evaluación total: se encontró que esta propuesta es más eficiente que las dos primeras (Hazel y Lush, 1942) citado por Lin (1978). En la práctica es probable que se tengan que utilizar, en cierto grado, los otros dos métodos, ya que en la mayor parte

de los hatos debe hacerse por lo menor una eliminación antes de que se disponga de toda la información necesaria para usar de manera óptima el método de calificación total (Warwick y Legates, 1990).

d) Mejores Predictores Lineales Insesgados (BLUP). Es más preciso que el índice de selección. Este método permite obtener la mejor evaluación de un animal considerado como un individuo aleatorio de un grupo o población. Entendiendo por "mejor" estimar el valor de cruzamiento como una función lineal de las observaciones, de manera imparcial y una varianza lo más pequeña posible para el error de predicción. Es posible desarrollar diversos modelos BLUP que se adaptan a una amplia gama de problemas y situaciones; los modelos lineales apropiados para observaciones individuales, además de las matrices de parentesco genético (numerador del coeficiente de parentesco) permiten extraer información sobre las comparaciones de sementales en los hatos o grupos de crianza cuando no se cuenta con comparaciones directas en la progenie (Warwick y Legates, 1990).

2.3.1. Índice de Selección

El enfoque de selección que utiliza un índice o calificación total se deriva a partir del trabajo de Smith (1936) y Hazel (1943) citado por Lin (1978) y consiste en obtener un predictor del valor genético agregado, que es una función lineal de los valores genéticos individuales ponderados por los valores económicos relativos correspondientes. El predictor mencionado es a su vez una función lineal de los valores fenotípicos medibles en el individuo, sus parientes o una combinación de ambos, ponderados estos por

coeficientes que maximizan la ganancia económica a través de la ganancia genética del valor genético agregado. Son estos últimos coeficientes los que tienen que ser calculados a partir de un sistema de ecuaciones simultáneas. El índice de selección corresponde, por lo tanto a un valor numérico para cada animal indicando su valor genético agregado.

La principal ventaja de este método es que enfatiza aquellas características de más importancia económica y con mayor heredabilidad, ofreciendo un medio objetivo de comparar individuos. En general se puede afirmar que el método de índice nunca es menos eficiente que los métodos de tandem y niveles de selección independientes (Hazel y Lush, 1942; Young, 1961) citado por Lin (1978). Este concepto fué generado hace varios años y se usa hasta la fecha en la mayoría de lugares donde se han aplicado técnicas de mejoramiento genético utilizando registros (Ronningen y Van Vleck, 1985).

La complejidad de la selección a través de un índice difícilmente necesita enfatizarse, especialmente cuando se extiende su aplicación a muchos caracteres componentes (Falconer, 1970). Aún con dos caracteres, se requieren estimaciones de por lo menos siete parámetros para su construcción. Puesto que algunas de éstos, particularmente la correlación genética, no pueden estimarse con gran precisión, el índice no puede ser estimado más que para usarse como una guía general de procedimiento. Pero como la selección tiene que aplicarse al valor económico a través de algún medio, parece mejor usar el índice de selección, tan impreciso como pueda parecer, que basar la selección en una combinación puramente arbitraria de los caracteres componentes (Warwick y Legates, 1990).

2.3.1.1. Índice de selección familiar

El mejoramiento de características con bajo índice de herencia puede ser sustancial, si en la selección se le da atención apropiada al fenotipo de parientes cercanos en adición al fenotipo del mismo animal (Henderson y Quaas, 1976). Al respecto Ronningen y Van Vleck (1985) puntualizan que un mayor progreso genético es esperado al usar un índice que además de considerar la producción del individuo, también considera información procedente de sus parientes, al aumentar la exactitud de la evaluación.

La mejora en la estimación del valor genético del individuo, producto de la inclusión de parientes, su grado de parentesco, depende, además del índice de herencia y del número de registros del animal sujeto a evaluación. En el estudio realizado por Legates y Lush (1954), se encontró que cuando el animal posee al menos tres registros es muy poca la información adicional proporcionada por los parientes, dependiendo de la magnitud de la h^2 y la repetibilidad. Sin embargo, si el animal posee un solo registro de producción, la información proporcionada por los parientes es sumamente valiosa. Ellos determinaron que las medias hermanas paternas son quienes más contribuyen en la valoración. Las medias hermanas maternas y las hijas parecen no contribuir mucho cuando al menos son considerados tres registros de la madre y tres del animal en estudio.

2.3.2. Metodología del índice de selección

El problema general en mejoramiento animal es escoger a aquellos

animales con mayor valor genético, como progenitores de la siguiente generación. El fenotipo de un animal está conformado por un componente genético y otro ambiental (Falconer, 1970), los que pueden o no actuar independientemente. Ante esta situación la tarea es como utilizar el fenotipo como predictor del genotipo o dicho de otro modo, como maximizar la correlación entre el valor genético agregado y el fenotipo ($r_{\Gamma\Gamma}$). Este concepto todavía vigente fueron primero propuesto por Smith (1936) y luego por Hazel y Lush (1942) y Hazel (1943) citados por Lin (1978),; Nordskog (1978). El índice (I) se define como :

$$I = \Sigma b_j F_j \quad (1)$$

donde las F's se refieren al fenotipo de cada una de las características de importancia económica y los factores de ponderación (b_j) son estimados de tal forma que el I sea el mejor indicador del valor genético del animal o sea $r_{\Gamma\Gamma}$ es maximizada.

Para determinar los b's asociados con cada característica (F), primero se define el valor genético total o agregado para cada animal (H). Este valor es la suma de los valores genéticos aditivos para cada característica ponderado por los pesos económicos. Esto es:

$$H = a_1 G_1 + a_2 G_2 + a_3 G_3 + \dots + a_j G_j$$

donde G_j es el valor genético aditivo la característica x_j y a_j es el valor económico del mismo. El objetivo es encontrar los b's de modo que

maximize la correlación entre el valor genético agregado y el índice r_{IT} .

Las ecuaciones normales simultáneas que permiten maximizar la correlación entre los valores del índice (I) y el valor genético del mérito total (H) son (Hazel, 1943) citado por Lin (1978):

$$b_1 v(F_1) + b_2 \text{cov}(F_1, F_2) + b_3 \text{cov}(F_1, F_3) = \text{cov}(F_1, H)$$

$$b_1 \text{cov}(F_1, F_2) + b_2 v(F_2) + b_3 \text{cov}(F_2, F_3) = \text{cov}(F_2, H) \quad (2)$$

$$b_1 \text{cov}(F_1, F_3) + b_2 \text{cov}(F_2, F_3) + b_3 v(F_3) = \text{cov}(F_3, H)$$

El lado izquierdo de las ecuaciones (2) está en función de las varianzas (v) y covarianzas (cov) fenotípicas de las características usadas en el índice. Estas covarianzas pueden obtenerse multiplicando la correlación fenotípica correspondiente por las desviaciones estándar [es decir, $\text{Cov}(F_i, F_j) = r(F_i, F_j) \sigma_{F_i} \sigma_{F_j}$]

En el lado derecho de estas ecuaciones están las covarianzas entre las características usadas en el índice y el valor genético del mérito total. Cuando hay más de una g_i (característica) en H, las covarianzas deben expandirse, es decir $\text{cov}(F_i, H) = \text{Cov}(F_i, a_1 G_1 + a_2 G_2 + \dots + a_n G_n) = a_1 \text{cov}(F_i, G_1) + a_2 \text{cov}(F_i, G_2) + \dots + a_n \text{cov}(F_i, G_n)$.

Las ecuaciones (2) descritas constituyen la matriz fenotípica (P), vector de los factores de ponderación (a) y la matriz genética (G) y esto expresado en forma matricial es $Pb = Ga$. Con base en el álgebra de matrices, la ecuación que brinda los valores de las b's para el índice pueden expresarse como: $b = P^{-1} Ga$.

2.3.3. Respuesta correlacionada a la selección

Intentos de cambiar el mérito genético de una característica en una población, por medio de un programa de selección son usualmente hechos seleccionando sobre el fenotipo para esta característica en forma directa. Pero también puede ser considerada la posibilidad de utilizar cualquier otra característica, además del fenotipo de la característica a mejorar, y de este modo podría incrementarse la respuesta a la selección de un carácter de interés. La eficiencia del índice es evaluado con base en la correlación entre el índice y el valor genético agregado del individuo (r_{IT}). Así, el progreso genético esperado a partir de la selección basada en un índice particular es proporcional a la r_{IT} . Cuando se selecciona para una característica, r_{IT} sirve como una base para determinar si hay o no alguna información adicional proporcionada por características correlacionadas con aquella que se desea mejorar. En cambio, cuando la selección es practicada sobre más de una característica, la r_{IT} proporciona una base para escoger el índice que permita obtener la mayor ganancia genética total hacia el valor genético agregado deseado (Warwick y Legates, 1990).

Debido a que los caracteres generalmente están correlacionados, la selección de uno de ellos trae consigo cambios en otros si esta interrelación es el resultado de correlaciones genéticas entre los rasgos. Las correlaciones o covarianzas genéticas que se usan para determinar los índices de selección toman en cuenta esas relaciones para llegar a las importancias relativas (b 's) en el índice de selección; en ocasiones se conoce a los caracteres correlacionados como rasgos indicadores para el carácter con interés

primario. Por décadas, ha habido interés simplemente en identificar o evaluar los rasgos como indicadores del mérito de rasgos más complejos.

Cuando la ganancia es sobre el índice, la ganancia genética directa (CGD) en el valor genético agregado (H) es como sigue : (Turner y Young, 1969; Lin, 1978).

$$\text{Cov}(H, I) = [b^T] [P] [b] = \sigma^2 I$$

$$\text{CGD} = [\text{Cov}(H, I) / \sigma^2 I] * \sigma I * i = i * \sigma I$$

La ganancia genética en la i-ésima característica del índice de selección sobre I, es: (Turner y Young, 1969; Lin, 1978).

$$\text{CGC} = (([b^T] [G]) / \sigma I) * i$$

III. OBJETIVOS

a) Construir un índice de selección que considera la producción de fibra a la primera esquila y el peso vivo al destete, utilizando distintas fuentes de información (del individuo, medias hermanas maternas y la madre del individuo) para alpacas Huacaya del Centro Experimental La Raya, propiedad de la Universidad Nacional de San Antonio Abad del Cusco de la República de Perú.

b) Estudiar la efectividad del índice de selección en términos de respuesta correlacionada.

IV. MATERIALES Y METODOS

4.1. Localización y lugar de trabajo

El presente estudio se desarrolló utilizando registros productivos de alpacas Huacaya del Centro Experimental La Raya, propiedad de la Universidad Nacional de San Antonio Abad del Cusco (UNSAAC), ubicada en el distrito de Layo, Provincia de Canas, Departamento del Cusco, limitado por el Sur con el Departamento de Puno, República de Perú. Su extensión territorial es de 6323.13 Ha., comprendiendo dentro de ella la sub-región puna, con sus diversas formaciones de tundra alpina, páramo sub-alpino, con límites superiores correspondientes a la formación nival. La formación cordillerana conocida como "Nudo del Vilcanota" se encuentra en parte en su territorio Rosales (1987) citado por Quirita (1991).

Su planta física se ubica a los 4200 m.s.n.m., cerca a la coordenada 14 30' latitud sur y 71 longitud Oeste, sus campos de pastoreo varían de 4000 a 5500 m.s.n.m, con la altitud más baja en Aguas Calientes y la altitud mayor en Chimboya (Holgado y col, 1979). El promedio de precipitación pluvial es de 945.1 mm. y la temperatura promedio anual es de 6.3 C (Rosales,1987), citado por Quirita (1991).

4.2. De los animales

Los animales con que se realizó el presente trabajo pertenecen a la

variedad Huacaya. Como criterio de selección, para ambos sexos se toma en cuenta el peso al destete y el peso de vellón a la primera esquila, utilizando el método de niveles independientes.

Los machos alcanzan la edad reproductiva a los 3 años de edad, mientras que en hembras generalmente es a partir de los 2 años, en algunos casos al año de edad, siempre que ésta alcance un peso de 33 kg.

Como actividades previas a la selección de alpacas se tiene la identificación de las crías al nacimiento, que se realiza al día siguiente de nacida la cría. Para el efecto se utilizan aretes metálicos que van colocados en la oreja del animal, en el lado derecho para machos y en el izquierdo para hembras, imprimiéndose en el arete la raza, el número correlativo de nacimiento, el mes y año de nacimiento. Se registran la identificación del animal, estado reproductivo y fundamentalmente las características cuantitativas como el peso al nacimiento, peso al destete, peso a la esquila, peso vellón, longitud de fibra.

4.3. Del manejo y alimentación

En cuanto al manejo de los animales se puede observar que éste se realiza técnicamente, contándose para ello con un calendario de manejo apropiado.

Dentro del calendario de actividades en la crianza de alpacas se presta mayor importancia al empadre y la parición, pues la eficiencia reproductiva de la alpaca depende mucho del factor manejo durante estos periodos, el mismo que está complementado con una buena alimentación y un buen

control de sanidad. Estas actividades se realizan entre los meses de diciembre a marzo.

El sistema de empadre utilizado es el de empadre alterno, que consiste en la utilización de machos al 6%, divididos en dos grupos, los cuales serán alternados cada 7 días, por el período de empadre, que dura 60 días al año.

El destete se realiza aproximadamente entre los 7 y 8 meses de edad de la cría. La separación de estas crías se hace por sexo y en la primera quincena del mes de septiembre. Las crías destetadas son destinadas a potreros de pastoreo reservadas con anterioridad.

La esquila es anual y se realiza en la segunda quincena del mes de octubre, con el uso de tijeras para esquila, clasificándose la fibra de acuerdo a variedad, color, longitud y finura.

La alimentación es basada en el pastoreo, realizándose en pasturas naturales, existiendo además pasturas cultivadas, las que son muy restringidas en su uso.

La disponibilidad y calidad del pasto varía según el sitio, tipo de suelo, existiendo pastizales de zonas secas con predominio de especies como la *Festuca dolichophylla*, *Muhlenbergia fastigiata*, *Stipa brachiphylla*, *Alchemilla pinnata*, *Calamagrostis amoena*, *Scirpus rigidus*, *Stipa ichu* y pastizales de zonas húmedas con predominio de la *Distichia muscoides*, *Plantago tubulosa*, *Calamagrostis eminens* así como Rye grass y Trebol Blanco.

4.4. Descripción de los datos

Con el fin de lograr los objetivos planteados en el presente estudio se

utilizaron los registros productivos de alpacas Huacaya del Centro Experimental La Raya-UNSAAC, colectados entre enero de 1984 a marzo de 1988, de los cuales se codificaron las siguientes variables:

- Identificación de la madre de la cría
- Fecha de nacimiento de la madre
- Fecha del destete de la madre
- Peso al destete de la madre
- Número de parto de la madre
- Edad de la madre al parto
- Número de esquila de la madre
- Fecha de esquila de la madre
- Peso vivo a la esquila de la madre
- Peso de vellón a la esquila de la madre
- Identificación de la cría
- Fecha de nacimiento de la cría
- Sexo de la cría
- Peso al nacimiento de la cría
- Fecha del destete de la cría
- Peso al destete de la cría
- Peso vivo a la primera esquila de la cría
- Peso de vellón a la primera esquila de la cría

El Cuadro 1 muestra el total de registros codificados que fueron de 1138, provenientes de 368 alpacas hembras y 770 crías. De los cuales 374

son hembras y 396 machos.

Cabe señalar que no se cuenta con la identificación del padre, por lo que en los análisis se consideró la información del individuo, de las medias hermanas maternas y de la madre solamente.

El impacto de incluir machos en el programa de selección correspondería al incremento potencial de la intensidad de selección, así como una mayor precisión en la estimación del valor genético aditivo.

Debe señalarse que se consideró como madres a las hembras nacidas en el año 1984 y 1985, y como individuo a las primeras crías de esas madres nacidas en el año 1987 y sus medias hermanas maternas las crías nacidas en el año 1988. Estas crías no aparecen posteriormente como madres.

Con base en estas informaciones se generaron las variables edad de la cría al destete, peso de la cría al destete ajustado a 242 días (P242), edad de la cría a la primera esquila y peso de vellón a la primera esquila ajustado a 292 días (Pv292).

Para realizar los ajustes por edad, se consideró la edad promedio al destete (242 días) y a la primera esquila (292 días).

El peso al destete ajustado a 242 días (P242) y peso de vellón ajustado a 292 días (Pv292), se calcularon a partir de las siguientes ecuaciones:

$$P242 = [(pedec - penac) / edad \text{ al destete}] * 242 \text{ días} + penac$$

$$Pv292 = [p.vellón \text{ 1ra. esquila} / edad \text{ a la esquila}] * 292 \text{ días}$$

Se establecieron restricciones en el manejo de datos, eliminando a

aquellas crías que no contaban con datos de peso al nacimiento, peso al destete y peso de vellón a la primera esquila, o a aquellas que les faltara fechas.

4.5. ANALISIS ESTADISTICO

4.5.1. Análisis para realizar ajustes para efectos no genéticos

Se realizaron análisis preliminares y se evaluó el siguiente modelo lineal mixto:

$$Y_{ijklm} = \mu + C_i + A_j + N_k + M_l + D_m + E_{ijklm}$$

μ = Constante

C_i = efecto aleatorio de la i-ésima alpaca

A_j = efecto fijo del j-ésimo año de nacimiento de la cría

N_k = efecto fijo del k-ésimo número de parto

M_l = efecto fijo de la l-ésima esquila

D_m = efecto fijo de la m-ésima edad de la alpaca

E_{ijklm} = error aleatorio con media 0 y varianza σ^2 .

4.5.2. Parámetros genéticos para peso al destete y peso de vellón a la primera esquila

Los distintos parámetros genéticos (índice de herencia, índice de

constancia, correlaciones genéticas) fueron estimados por Quirita (1991) utilizando la misma base de datos que se utilizó en el presente estudio.

La selección sobre peso al destete debe dar por resultado algunos cambios en la capacidad del tui (cría hasta el año de edad) para crecer, según la habilidad de la madre para brindarle un ambiente maternal adecuado para ello. En el modelo se ignoró la posible correlación entre los genes para el crecimiento y aquellos para influencias maternas, tomando en cuenta sólo los efectos aditivos genéticos o los valores de cría promedio.

En la estimación del índice de herencia para peso al destete, se consideró como característica de la cría solamente, con base en la estrategia de estimación usada.

Los estimadores de heredabilidad obtenidos por Quirita (1991) fueron de 0.41 ± 0.14 y 0.31 ± 0.17 para peso destete como característica de la cría y peso de vellón a la primera esquila respectivamente, mientras que las correlaciones genética y fenotípica para peso destete y peso de vellón a la primera esquila fué de 0.333 ± 0.273 y -0.146 respectivamente. La repetibilidad para peso de vellón fué 0.294 ± 0.034 (Cuadros 5 y 6).

Los estimadores de las varianzas genéticas para peso destete y peso de vellón a la primera esquila fueron 6.9325 y 0.0362 respectivamente y la covarianza entre estas dos características fué -0.1669 , mientras que los valores de las varianzas fenotípicas para peso destete y peso de vellón a la primera esquila fueron 16.9085 y 0.1169 respectivamente y la covarianza fenotípica entre ambas fué -0.2053 , mismas que pueden observarse en los Cuadros 7 y 8 (Quirita, 1991).

4.5.3. Índice de selección para mejorar dos características utilizando información del individuo

Este modelo de índice de selección consideró el mejoramiento simultáneo de dos características utilizando información procedente del individuo sujeto a selección. A partir de la ecuación (1), se tiene :

$$I_1 = b_1 X_1 + b_2 X_2$$

donde X_1 y X_2 son los fenotipos de las características peso al destete y peso de vellón a la primera esquila respectivamente. La solución para las b 's es obtenido según las ecuaciones normales (2).

La ganancia genética directa y correlacionada fué estimada usando el procedimiento sugerido por Turner y Young (1969), descrito en revisión de literatura.

4.5.4. Índice de selección para dos características utilizando información familiar

En el presente estudio se desarrolló un índice de selección que incluyó información de las características: peso vivo al destete ajustado a 242 días y peso de vellón a la primera esquila ajustado a 292 días en el individuo (X), el promedio de medias hermanas maternas (MHM) y su madre (M), generándose la siguientes ecuaciones:

$$I_2 = b_1(X)_1 + b_2(M)_1 + b_3(X)_2 + b_4(M)_2$$

$$I_3 = b_1(X)_1 + b_2(MHM)_1 + b_3(M)_1 + b_4(X)_2 + b_5(MHM)_2 + b_6(M)_2$$

donde X_1 , MHM_1 y M_1 son los fenotipos del individuo, media hermana materna y la madre del individuo para la característica peso destete y X_2 , MHM_2 y M_2 son los fenotipos del individuo, media hermana materna y la madre del individuo para la característica peso vellón a la primera esquila.

Para construir este índice fue necesario considerar las varianzas y covarianzas genéticas y fenotípicas, la h^2 y la rg de las características, según Turner y Young (1969) y Van Vleck (1993), así como los valores económicos relativos. Los valores económicos relativos definidos como el peso relativo que se asigna a cada característica a mejorar fueron obtenidos según la ponderación de precios actuales a US \$ 1.00/lb para peso vellón y \$ 0.25/lb para peso al destete. (Ruiz de Castilla, 1991).

La solución para las b 's se obtuvo resolviendo en forma matricial la ecuación $Pb = Ga$, por lo tanto:

$$b = P^{-1}Ga$$

donde:

P = matriz de varianzas y covarianzas fenotípicas de las características estudiadas

G = matriz de varianzas y covarianzas genéticas

a = vector de valores económicos relativos para peso al destete y peso del

vellón a la primera esquila.

En primer lugar se generaron por separado las sub-matrices de varianzas y covarianzas fenotípicas para las características peso al destete y peso de vellón a la primera esquila, utilizando información familiar, para luego integrarla en la matriz fenotípica $P_{(6 \times 6)}$ en el que se incluyen también las sub-matrices de varianzas y covarianzas entre características y entre individuos.

En la formulación de la Matriz fenotípica, lo elementos resultantes sobre la diagonal fueron:

$$P_{11} = P_{33} = \sigma^2_p$$

$$P_{22} = \sigma^2_p [1 + (n-1)h^2/4]/n$$

$$P_{44} = P_{66} = \sigma^2_p [1 + (n-1)r]/n$$

$$P_{55} = \sigma^2_p \{ [1 + (n-1)r]/n + (p-1)a_{ij}h^2/p \}$$

donde r se refiere al índice de constancia, n es el número de registros por individuo dentro de familia, p es el número de miembros por familia y a_{ij} es el parentesco dentro de grupos de familia.

P_{11} , P_{22} y P_{33} son las varianzas del individuo, media hermana materna y la madre que corresponden a la sub-matriz fenotípica para la característica peso destete ajustado a 242 días y P_{44} , P_{55} y P_{66} son las varianzas del individuo, media hermana materna y la madre que corresponden a la sub-matriz fenotípica para la característica peso vellón a la primera esquila ajustado a 292 días.

Con referencia a las covarianzas se consideró :

$$P_{12}=P_{21}=\sigma^2_A /4$$

$$P_{13}=P_{31}=P_{23}=P_{32}=\sigma^2_A/2$$

$$P_{45}=P_{54}=\sigma^2_A /4$$

$$P_{46}=P_{64}=P_{56}=P_{65}=\sigma^2_A/2$$

donde P_{12} y P_{21} son las covarianzas fenotípicas entre el individuo y su media hermana materna, P_{13} y P_{31} son las covarianzas fenotípicas entre el individuo y su madre, P_{23} y P_{32} son las covarianzas fenotípicas entre la media hermana materna y su madre, formando parte de la sub-matriz de varianzas y covarianzas fenotípicas para la característica peso al destete y P_{45} y P_{54} son las covarianzas entre el individuo y su media hermana materna, P_{46} y P_{64} son las covarianzas fenotípicas entre el individuo y su madre, P_{56} y P_{65} son las covarianzas fenotípicas entre la media hermana materna y su madre, misma que forma parte de la sub-matriz de varianzas y covarianzas fenotípicas para la característica peso de vellón a la primera esquila.

De igual forma se procedió a generar la matriz de varianzas y covarianzas genéticas $G_{6 \times 6}$. En el Apéndice Nro. 1, se muestran las matrices de varianzas y covarianzas genéticas (G) y fenotípicas (P), así como la matriz de valores económicos relativos (a).

La evaluación del modelo de selección se hizo simulando distinto número de registros por grupo familiar, así como distinto número de medias hermanas maternas.

Los cambios genéticos directos y correlacionados son obtenidos mediante las expresiones de Turner y Young (1969), citadas anteriormente.

V. RESULTADOS Y DISCUSION

En el presente trabajo fueron estudiados diferentes índices de selección individual y familiar, considerando simultáneamente los pesos al destete ajustado a 242 días y peso de vellón a la primera esquila ajustado a 292 días de alpacas Huacaya. A continuación se presentarán los resultados obtenidos y la discusión de relevancia en torno a estos:

5.1. Índice de Selección

Se evaluarán diversos modelos de índices de selección, en base a los distintos parámetros ya descritos. Para propósitos comparativos la respuesta directa y correlacionada, en una generación a partir de la selección se expresó como el cambio genético esperado para un diferencial de selección de una desviación estándar fenotípica.

Los índices de selección más eficientes surgidos en el presente trabajo se muestran en el Cuadro 9.

5.1.1. Selección considerando un índice con dos características en el individuo

Registros de pesos al destete (X_1) y peso de vellón a la primera esquila (X_2) en el individuo fueron considerados simultáneamente en un índice.

$$I_1 = 0.0941 (X)_1 + 0.1179 (X)_2$$

El Cuadro 10 presenta las respuestas genéticas directas y correlacionadas que resultarían en cada una de las características si se aplicara selección simultánea sobre peso al destete y peso de vellón a la primera esquila utilizando información del sujeto a seleccionar.

Se puede observar que la respuesta a la selección directa para el índice es de 0.3830. La selección sobre el índice utilizando simultáneamente P242 y Pv292 resultaría en un cambio genético correlacionado de 1.6513 kg en P242 por generación y de -0.0298 kg en Pv292 por generación, ligeramente mayores que el que se obtendría utilizando información familiar, pero con una correlación entre el índice y el valor genético agregado de 0.46, haciéndola menos precisa que esta.

5.1.2. Selección usando información familiar para mejorar dos características excluyendo al individuo del promedio de sus medias hermanas maternas

El modelo de selección evaluado en el presente estudio fué obtenido considerando la información de producción del individuo sujeto a selección, las medias hermanas maternas y la madre de este individuo, excluyendo al individuo del promedio de las medias hermanas maternas. Se evaluaron simultáneamente las características peso al destete ajustado a 242 días y peso de vellón a la primera esquila ajustado a 292 días.

$$I_2 = 0.0883(X)_1 + 0.0297(M)_1 + 0.1177(X)_2 + 0.0734(M)_2$$

$$I_3 = 0.0878(X)_1 + 0.0095(MHM)_1 + 0.0280(M)_1 + 0.1164(X)_2 \\ + 0.0365(MHM)_2 + 0.0714(M)_2$$

En el Cuadro 10 puede notarse que al considerar información del individuo, medias hermanas maternas y la madre el coeficiente de correlación (r_{IT}) es del orden de 0.51, acompañado de un cambio genético directo de 0.4028 y un cambio genético correlacionado en P242 de 1.4629 y sobre Pv292 fué de - 0.0259 kg por generación, menor que el que se obtendría cuando se usa solamente la información del individuo, o del individuo y su madre (-0.0298 y - 0.0261 respectivamente) con una reducción en el peso de vellón a la primera esquila de - 0.0259 kg.

El punto de comparación para evaluar el efecto de incluir información familiar es la correlación entre el índice y el valor genético agregado (r_{IT}), el cual fué de 0.51, sugiriendo que el mejoramiento en la precisión es mejor en relación a lo obtenido utilizando información individual.

Los cambios genéticos directos y correlacionados y la correlación entre el fenotipo y el índice (r_{IT}) encontrados, considerando las condiciones actuales de los registros de cada uno de los parientes sujeto a selección, son mostrados en el Cuadro 10. Es evidente que la inclusión de la información de la madre (M) y las medias hermanas maternas (MHM) mejora la precisión (0.51), pero debe considerarse que el manejo de información del individuo, medias hermanas maternas y la madre es más costoso que cuando se utilizaría información del individuo y su madre solamente.

VI. CONCLUSIONES Y RECOMENDACIONES

Con base en los resultados obtenidos en el presente trabajo, donde se analizaron 1138 registros productivos de alpacas Huacaya, con el objetivo de determinar un índice de selección económico considerando simultáneamente las características peso destete y peso de vellón a la primera esquila, utilizando información individual y familiar, se pueden generar las siguientes conclusiones y recomendaciones:

- Los beneficios de incrementar en 0.04 el r_{IT} utilizando información del individuo y su madre en relación a utilizar solamente información del individuo, es ventajoso porque proporciona mayor precisión en la estimación del valor genético agregado.

Es evidente que la inclusión de la información de la madre, las medias hermanas maternas mejora la precisión (0.51 ± 0.051) ligeramente mayor que cuando se usa información del individuo y su madre (0.50 ± 0.0407) pero con una mayor variabilidad. Debe tomarse también en cuenta la relación costo/beneficio, dado que el manejo de información del individuo, medias hermanas maternas y su madre es más costoso que cuando se utilizaría información del individuo y su madre solamente.

Con base en las consideraciones arriba descritas, se recomienda utilizar un índice de selección que incluya información del individuo y su madre.

- Se requiere reestimar los parámetros genéticos utilizando la totalidad de registros productivos de alpacas Huacaya, con la finalidad de estimar

mejor los efectos ambientales, factores de ajuste más exactos, así como aumentar la exactitud de la evaluación individual y por consiguiente la exactitud del valor genético agregado estimado, lo que repercutirá en una mejor respuesta a la selección.

VII. LITERATURA CITADA

- Apaza, Z.E. 1988. Resúmenes de VI Convención Internacional de Camélidos Sudamericanos. Oruro, Bolivia.
- Choque, F. y Rodríguez, T. 1988. Determinación de parámetros genéticos en caracteres de producción de carne y fibra en alpacas. Resúmenes de la VI Convención Internacional de Especialistas en Camélidos. Oruro, Bolivia. (Abstr).
- Bustinza, V.; Burfenning, P.; y Blackwell, R. 1988. Factors affecting survival in young alpacas (*Lama pacus*). *J. Animal Science*. 66: 1139 - 1143.
- Falconer, D.S. 1970. Introducción a la genética cuantitativa. Trad. por Fidel Márquez Sánchez. México D.F. Edit. CECOSA. 430 p.
- Hazel, L.N. 1943. The genetic basis for constructing selection indexes *genetics* 28: 476. citado por Lin (1978).
- Hazel, L.N., and J.L. Lush. 1942. The efficiency of three methods of selection. *J. Heredity* 33:393. citado por Lin (1978).
- Henderson, C.R. 1950. Estimación de parámetros genéticos. *Annals of Mathematical Statistics* 21:309.
- Henderson, C.R., and R.L. Quass. 1976. Multiple trait evaluation using relatives records. *J. Animal Science* 43:1188.
- Lerner, I. 1958. The genetic basis of selection. John Wiley and sons, New York.
- Lush, J.L. 1947. Family merit and individual merit as bases for selection, Part I. *American Naturalist* 81:241 Part II. *American Naturalist* 81:362.
- Lin, C.Y. 1978. Index selection for genetic improvement of quantitative characters. *Theor. Appl. Genet.* 52, 49-56.

- Nolte, E. 1987. El Programa de Investigación en Rumiantes Menores. La investigación en camélidos en el Perú. II Curso sobre crianza de camélidos sudamericanos (alpacas y llamas). Lima, Perú.
- Nordskog, A. W. 1978. Some Statistical properties of an index of multiple traits. *Theor. Appl. Genet.* 52, 91-94.
- Quirita, C. 1991. Estimación de parámetros genéticos en alpacas Huacaya del Centro Experimental La Raya de la UNSAAC. Tesis Ingeniero Zootecnista, Universidad Nacional de San Antonio Abad del Cusco. Cusco, Perú.
- Ronningen, K., Van Vleck, L.D. 1985. Selection index theory with practical applications. In *World Animal Science. General and quantitative genetics.* Ed. By A.B. Chapman. New York, B.V. p 187-225.
- Roque, J.; Carpio, M y Blackwell, R. 1985. Transmisión hereditaria de peso vivo y longitud de mecha en alpacas. En resúmenes de la V Convención Internacional sobre Camélidos Sudamericanos. Cusco, Perú. (Abstr).
- Ruiz de Castilla, M. 1991. Proyecto de rentabilidad de alpacas y llamas en el Módulo de Crianza del Proyecto UNSAAC-BAP-FIDA. Boletín de divulgación. Cusco, Perú.
- Soto, H. 1989. Respuesta comparativa en el engorde estabulado del ovino, la alpaca y la llama. Tesis de Ingeniero Zootecnista, Universidad Nacional Agraria La Molina. Lima, Perú.
- Turner, H.N., and S.S.Y. Young. 1969. *Quantitative Genetics in Sheep breeding.* Cornell University Press, Ithaca, New York.
- Van Vleck, L.D. 1993. Selection index and introduction to mixed model methods. ed. CRC Press, Inc, 481 p..
- Velasco, J. 1980. Heredabilidades y correlaciones de peso corporal y peso de vellón en alpacas. Anales de la III Reunión de la Asociación Peruana de Producción Animal (APPA). Lima, Perú. (Abstr).

Warwick y Legates. 1990. Cría y mejora del ganado. México. 8va. Edición.
Edit. Interamericana. McGraw-Hill.

CUADRO 1 Heredabilidades estimadas en alpacas Huacaya

Autor	peso vivo	peso vellón	Método
Velasco (1981)	0.69	0.35 ± 0.02	regresión
Roque, Carpio y Blackwell (1985)	0.27±0.08	0.21 ± 0.07	regresión hijo-progenitor
Nolte (1987)	0.39	0.22 ± 0.35	
Choque y Rodríguez (1987)	0.24±0.54	0.48 ± 0.03	
Quirita (1991)	0.41±0.14	0.31 ± 0.17	regresión cría-madre

Cuadro 2 Correlaciones genéticas estimadas en alpacas, para peso destete y peso de vellón a la primera esquila

Autor	rg1g2
Bustinza y Burfenning (1986)	0.25
Nolte (1987)	- 0.10 a 0.50
Quirita (1991)	- 0.333 ± 0.273

Cuadro 3 Índice de constancia (r) para la característica peso de vellón en alpacas Huacaya

Autor	r	método
Apaza (1988)	0.51 ± 0.44	regresión
Apaza (1988)	0.49 ± 0.03	correlación intra clase
Rodríguez e Iñiguez (1976)	0.20	
Quirita (1991)	0.292 ± 0.034	regresión

CUADRO 4 Número de registros de alpacas codificados para el estudio

TIPO DE INFORMACION	n
madres	368
crías	770
hembras	374
machos	396
T O T A L	1138

CUADRO 5 Índice de Herencia (h^2) para las características estudiadas

CARACTERISTICA	Nro. Obsv.	$h^2 \pm e.e.$
Peso del destete	208	0.41 ± 0.14
Peso de vellón a la primera esquila	91	0.31 ± 0.17

De Quirita (1991)

CUADRO 6 Índice de Constancia (r) para las características estudiadas

CARACTERISTICA	Nro.Obsv.	$r \pm e.e$
Peso de vellón	1078	0.294 ± 0.034

De Quirita (1991)

CUADRO 7 Varianzas, covarianzas y correlaciones genéticas entre las distintas características

CARACTERISTICA	P242	Pv292
P242	6.9325	- 0.1669
Pv292	- 0.333 ± 0.273	0.0362

Elementos sobre la diagonal son varianzas genéticas aditivas, arriba son covarianzas y debajo de la diagonal son correlaciones genéticas

De Quirita (1991)

CUADRO 8 Varianzas, covarianzas y correlaciones fenotípicas entre las distintas características

CARACTERISTICA	P242	Pv292
P242	16.9085	- 0.2053
Pv292	- 0.146 ± 0.273	0.1169

Elementos sobre la diagonal son varianzas, arriba son covarianzas y debajo de la diagonal son correlaciones fenotípicas

De Quirita (1991)

Cuadro 9 Indices de selección más eficientes surgidos en el presente trabajo

$$I_1 = 0.0941 (X)_1 + 0.1179 (X)_2$$

$$I_2 = 0.0883 (X)_1 + 0.0297 (M)_1 + 0.1177 (X)_2 + 0.0734 (M)_2$$

$$I_3 = 0.0878 (X)_1 + 0.0095 (MHM)_1 + 0.0280 (M)_1 + 0.1164 (X)_2 + 0.0365 (MHM)_2 + 0.0714 (M)_2$$

$(X)_1$ = peso destete del individuo
 $(MHM)_1$ = peso destete de la media hermana materna
 $(M)_1$ = peso destete de la madre
 $(X)_2$ = peso de vellón del individuo
 $(MHM)_2$ = peso de vellón de la media hermana materna
 $(M)_2$ = peso de vellón de la madre

Cuadro 10 Cambio genético directo (CGD) y correlacionado (CGC) por generación para P242 y P292 y correlación entre el índice y el valor genético agregado (r_{π}) para los distintos índices de selección hallados

Tipo de información			CGC			
alpaca	MHM	M	CGD	P242	P292	r_{π}
1			0.3830	1.6513	- 0.0298	0.46±0.0439
1		1	0.4009	1.4779	- 0.0261	0.50±0.0407
1	1	1	0.4028	1.4629	- 0.0259	0.51±0.0510

Cuadro 11 Número de índices de selección hallados con sus respectivos errores estándar según el tipo de información utilizada para P242 y Pv292

Tipo de información	Nro. Indices	X ± e.e
Individuo	91	2.5731 ± 0.4196
Individuo + madre	91	3.3864 ± 0.3884
Individuo + MHM + madre	60	3.5940 ± 0.3951

APENDICE 1

Índice de selección para peso destete y peso de vellón a la primera esquila utilizando información familiar.

El índice (I), coeficientes (b) y precisión (r_{IT}) fué derivado de:

$$Pb = Ga$$

$$r_{IT} = (b_1 \cdot a_{1j} + b_2 \cdot a_{2j} + \dots + b_6 \cdot a_{6j})^{1/2}$$

donde :

P = matriz de varianzas y covarianzas fenotípicas de las características estudiadas

G = matriz de varianzas y covarianzas genéticas

a = vector de valores económicos relativos para peso destete y peso de vellón

b = vector de coeficientes de regresión múltiple que maximizan la correlación entre el índice y el valor genético agregado

$$P = \begin{bmatrix} X_1 & MHM_1 & M_1 & X_2 & MHM_2 & M_2 \\ p_{11} & 1/4 \sigma^2 A_1 & 1/2 \sigma^2 A_1 & \sigma p_1 p_2 & 1/4 \sigma A_1 A_2 & 1/2 \sigma A_1 A_2 \\ & p_{22} & 1/2 \sigma^2 A_1 & 1/4 \sigma A_1 A_2 & \sigma p_1 p_2 & 1/2 \sigma A_1 A_2 \\ & & p_{33} & 1/2 \sigma A_1 A_2 & 1/2 \sigma A_1 A_2 & \sigma p_1 p_2 \\ & & & p_{44} & 1/4 \sigma^2 A_2 & 1/2 \sigma^2 A_2 \\ & & & & p_{55} & 1/2 \sigma^2 A_2 \\ & & & & & p_{66} \end{bmatrix}$$

donde :

$$P_{11} = P_{33} = \sigma^2 p_1$$

$$P_{22} = \sigma^2 p_1 [1+(n-1)h^2/4]/n$$

$$P_{44} = P_{66} = \sigma^2 p_2 [1+(n-1)r]/n$$

$$P_{55} = \sigma^2 p_2 [1+(n-1)r/n + (p-1)h^2/4]p$$

$$G = \begin{bmatrix} X_1 & MHM_1 & M_1 & X_2 & MHM_2 & M_2 \\ \sigma^2 A_1 & 0 & 0 & \sigma A_1 A_2 & 0 & 0 \\ & 1/4 \sigma^2 A_1 & 0 & 0 & 1/4 \sigma A_1 A_2 & 0 \\ & & 1/2 \sigma^2 A_1 & 0 & 0 & 1/2 \sigma A_1 A_2 \\ & & & \sigma^2 A_2 & 0 & 0 \\ & & & & 1/4 \sigma^2 A_2 & 0 \\ & & & & & 1/2 \sigma^2 A_2 \end{bmatrix}$$

donde :

X_1 , MHM_1 , M_1 y X_2 , MHM_2 y M_2 son los fenotipos del individuo, medias hermanas maternas y madre para las característica peso al destete (1) y peso de vellón a la primera esquila (2), respectivamente.

$$a' = [1 \ 1 \ 1 \ 0.25 \ 0.25 \ 0.25]$$