



Simposio “Un cambio de mirada en los programas de mejora y conservación de recursos genéticos de especies animales ”

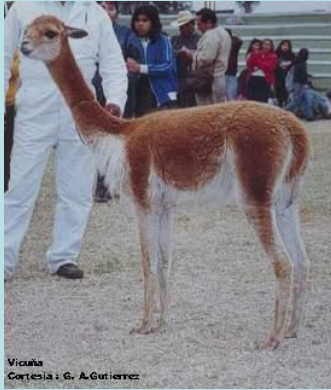
“Avances en el conocimiento del genoma de la alpaca”

Gustavo A. Gutiérrez¹ y F. Abel Ponce de Leon^{1,2}

¹Universidad Nacional Agraria La Molina, Peru

²University of Minnesota, USA

Camélidos Sudamericanos



Vicuña
(*Vicugna vicugna*)

Alpaca
(*Vicugna pacos*)



Guanaco (*Lama guanicoe*)



Llama (*Lama glama*)

Productos

Fibra

Alpaca 4,478 t/año

51 millones USD/año



Existe mucho interés en la mejora genética de alpacas

- Asociado a criadores con economías de supervivencia
- Producto bandera (exportación)-alpacas
 - Especie nativa
- Adaptación ambiente altoandino



Problemática

- El conocimiento de la información molecular de la alpaca es limitado en comparación con otras especies.
- Existe poca información relacionada a los genes y su localización, marcadores moleculares y su localización, y la asociación entre los genes y marcadores moleculares.
- No existen, a la fecha reportes sobre el uso y localización de marcadores de polimorfismos de nucleótido simple (SNP) para esta especie.
- Esta falta de información limita la implementación de un programa de mejoramiento genético con tecnologías avanzadas como la selección genómica, y permita elevar los niveles de producción y rentabilidad de su crianza.

Genoma VicPac 2.02 - 22X (2012)

☐ *Vicugna pacos* *Vicugna_pacos-2.0.2*

Submitter: Washington University (WashU)

Loc	Type	Name	RefSeq	INSDC	Size (Mb)	GC%	Protein	rRNA	tRNA	Other RNA	Gene	Pseudogene
		master WGS	-	ABRR000000000.2	2,057	41.4	-	-	-	-	-	-
MT	Chr	MT	NC_002504.1	Y19184.1	0.016652	40.8	13	2	22	-	13	-
	Un	-	-	-	2,172.19	41.7	33,195	-	1,714	2,272	24,540	1,927

Genoma Vi_pacos_V1.0 - 72.5X (2014)

- BGI
- Se secuenció mediante el uso de la plataforma Illumina HiSeq 2000
- Tamaño del genoma: 2013.7 Mb



VicPac3.1

- Muestra: Carlotta (AHFN-0088), alpaca Hembra
- Número de accesión GenBank: GCA_000164845.4
- Cobertura del genoma: 260.0x
- Tecnología de secuenciamiento: Illumina HiSeq; PacBio RSII; Dovetail genomics
- De 77389 scaffolds, 86 scaffolds fueron asignados a cromosomas (75.6% del tamaño total del ensamblaje).

Chromosome-Level Alpaca Reference Genome *VicPac3.1* Improves Genomic Insight Into the Biology of New World Camelids

Mark F. Richardson^{1,2†}, Kylie Munyard^{3‡}, Larry J. Croft¹, Theodore R. Allnutt⁴, Felicity Jackling⁵, Fahad Alshambari^{6‡}, Matthew Jevit⁶, Gus A. Wright⁶, Rhys Cransberg³, Ahmed Tibary⁷, Polina Perelman^{8‡}, Belinda Appleton² and Terje Raudsepp^{6*}

Cromosoma	Scaffolds
1	5
2	1
3	3
4	3
5	1
6	2
7	1
8	1
9	3
10	1
11	5
12	2
13	3
14	2
15	2
16	6
17	1
18	2
19	1
20	2

Cromosoma	Scaffolds
21	3
22	1
23	2
24	1
25	3
26	2
27	1
28	1
29	2
30	3
31	1
32	3
33	1
34	1
35	4
36	3
X	7
Total	86

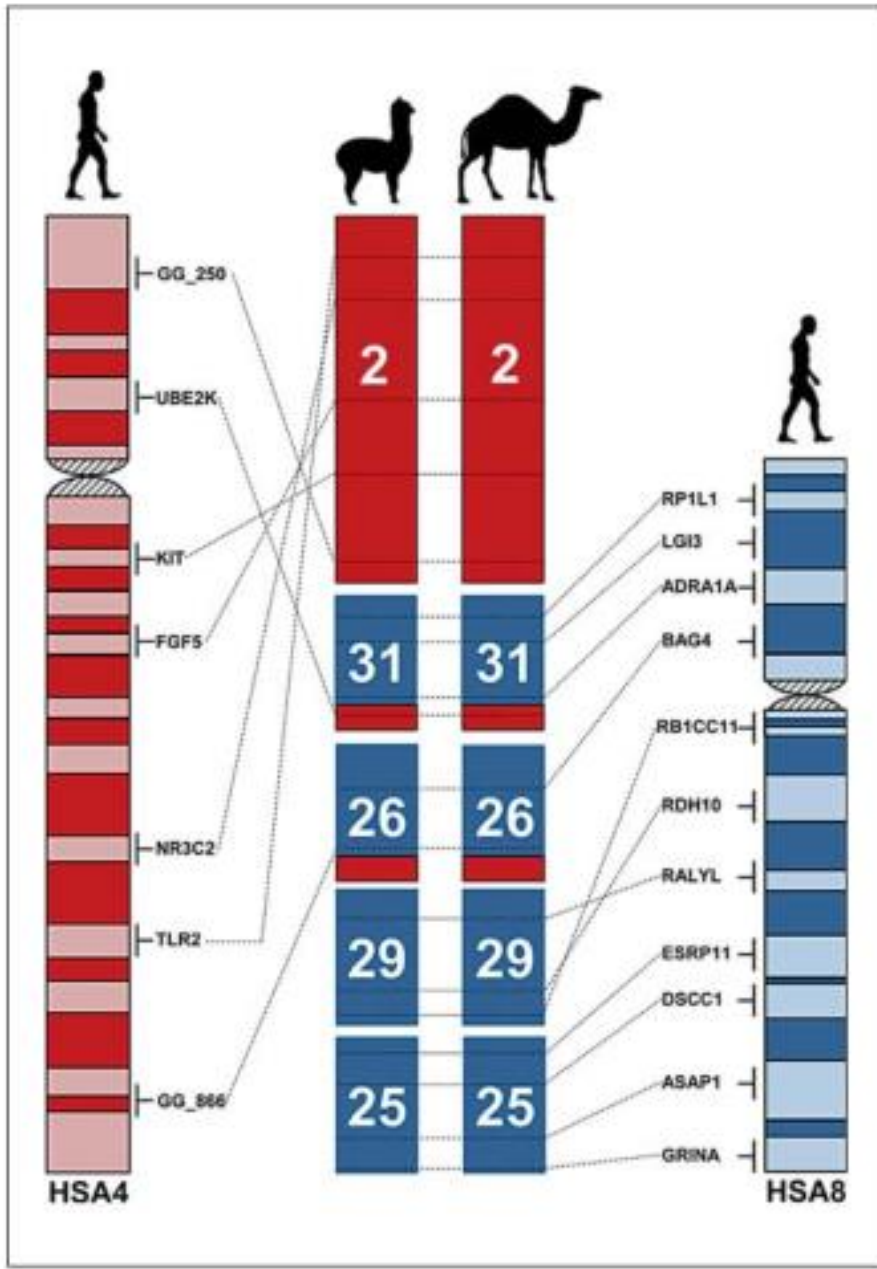
Mapa citogenético de la alpaca

- Genoma de referencia VICPAC 2- 22x
- Tamaño del genoma: 2.1 GB
- 230 marcadores moleculares reportados y localizados en el genoma (Ávila et al. 2015)
- Panel de marcadores microsatelites para prueba de paternidad.

(Ávila et al 2015)

Análisis Comparativo

- Homología entre los cromosomas HSA4, HSA8, LPA26 y CDR26 (Ávila et al. 2015)



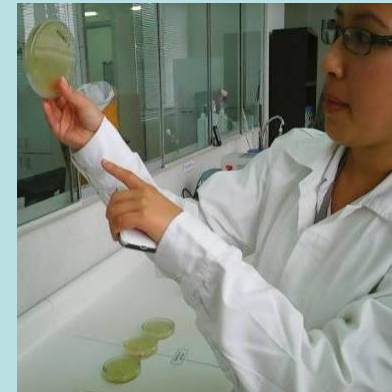
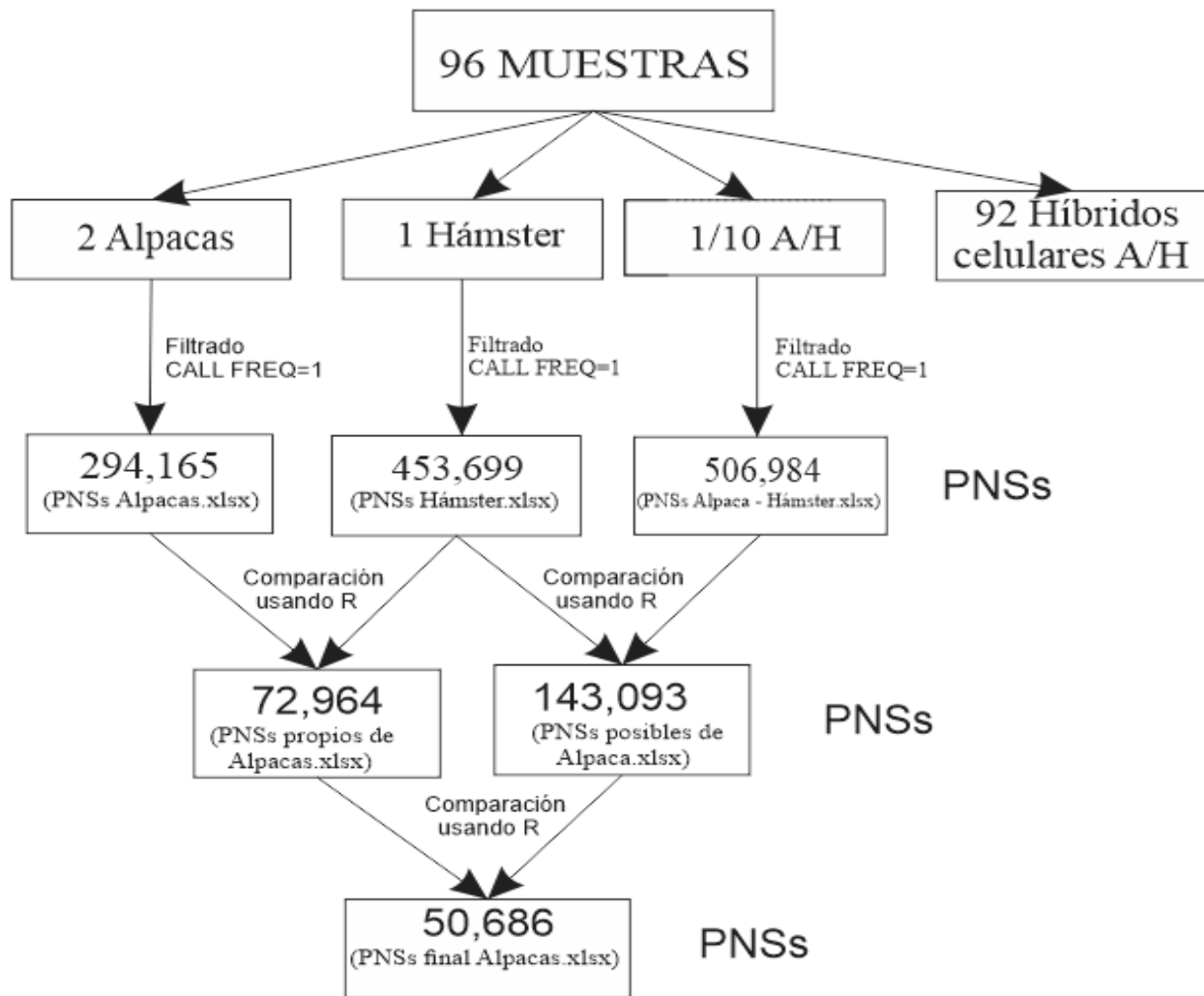
Establecimiento de un mapa físico preliminar de marcadores moleculares de Polimorfismo de Nucleótido Simple (PNS) en Alpaca (*Vicugna pacos*) en base a información obtenida con un chip de Bovinos (Bovine HD Genotyping Beadchip)

Objetivos

- a) Identificar las secuencias de marcadores PNS que resultaron positivos con el chip bovino (Bovine HD Genotyping Beadchip), y a su vez identificar dichas secuencias en el Genoma base de Alpaca disponible en el Centro Nacional de Información Biotecnológica (NCBI).
- b) Estimar la relación de ligamiento entre marcadores PNSs de Alpaca mediante el uso de un panel celular híbrido (Alpaca/hámster) irradiado
- c) Desarrollo de un mapa físico de PNSs de Alpaca basado en la localización física cromosómica de grupos de marcadores ligados mediante la técnica de Hibridación in situ con fluorescencia (FISH).



Polimorfismos de Nucleótido Simple (SNP) en Alpaca (*Vicugna pacos*) en base a información obtenida con un chip de Bovinos (Bovine HD Genotyping Beadchip)



**33 grupos de
ligamento
con 216 PNSs**

**Mamani et al.
2017, 2019**



Evaluation of SNP Genotyping in Alpacas Using the Bovine HD Genotyping Beadchip

 Manuel More¹,  Gustavo Gutiérrez¹,  Max Rothschild²,  Francesca Bertolini³ and  F. Abel Ponce de León^{4*}

¹Facultad de Zootecnia, Universidad Nacional Agraria La Molina, Lima, Peru

²Department of Animal Science, Iowa State University, Ames, IA, United States

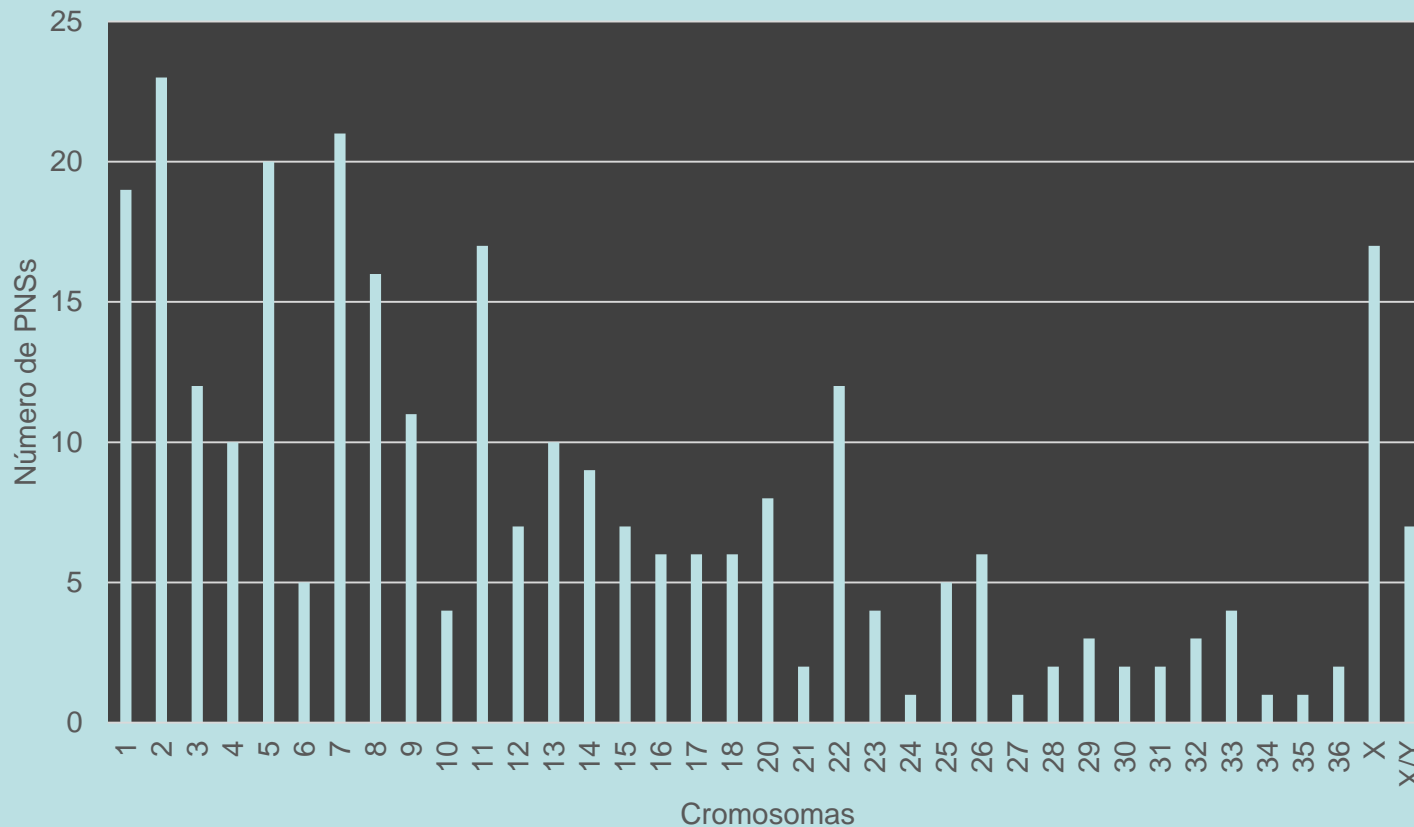
³National Institute of Aquatic Resources, DTU-Aqua, Technical University of Denmark, Lyngby, Denmark

⁴Department of Animal Science, University of Minnesota, Minneapolis, MN, United States

- Genotipado de 40 alpacas con Bovine HD beadchip
- Los efectos del valor límite de no genotipificación ≥ 0.25 , la tasa de genotipificación = 1 y el GenCall Score promedio ≥ 0.7 fueron significativos e identificaron 6756 PNSs.
- De los PNSs identificados, 400 PNSs fueron polimórficos (FAM ≥ 0.01), con localización única en el genoma de la alpaca.
- La asignación predictiva a los cromosomas de alpaca fue posible para 292 PNSs. Se localizaron 209 PNSs en 202 loci de genes de alpaca.



Identificación de 400 PNSs polimórficos (40 alpacas), con localización única en los dos genomas de referencia (292 localizados de manera predictiva en cromosomas de alpaca)



More et al. 2019

Revista peruana de biología 26(1): 087 - 094 (2019)
doi: <http://dx.doi.org/10.15381/rpb.v26i1.15911>
ISSN-L 1561-0837; eISSN: 1727-9933
Universidad Nacional Mayor de San Marcos

TRABAJOS ORIGINALES

Presentado: 31/07/2018
Aceptado: 03/02/2019
Publicado online: 30/03/2019

Correspondencia:

*Autor para correspondencia

1 Universidad Nacional Agraria La Molina. Av. La Molina S/N, Lima 12.

2 University of Minnesota, St. Paul, MN 55108, United States.

Email AGFS: 20110366@lamolina.edu.pe

Identificación bioinformática de Polimorfismos de Nucleótido Simple (PNSs) en genes candidatos para las características de la fibra en alpacas (*Vicugna pacos*)

Bioinformatic identification of Single Nucleotide Polymorphisms (SNPs) in candidate genes for fiber characteristics in alpacas (*Vicugna pacos*)

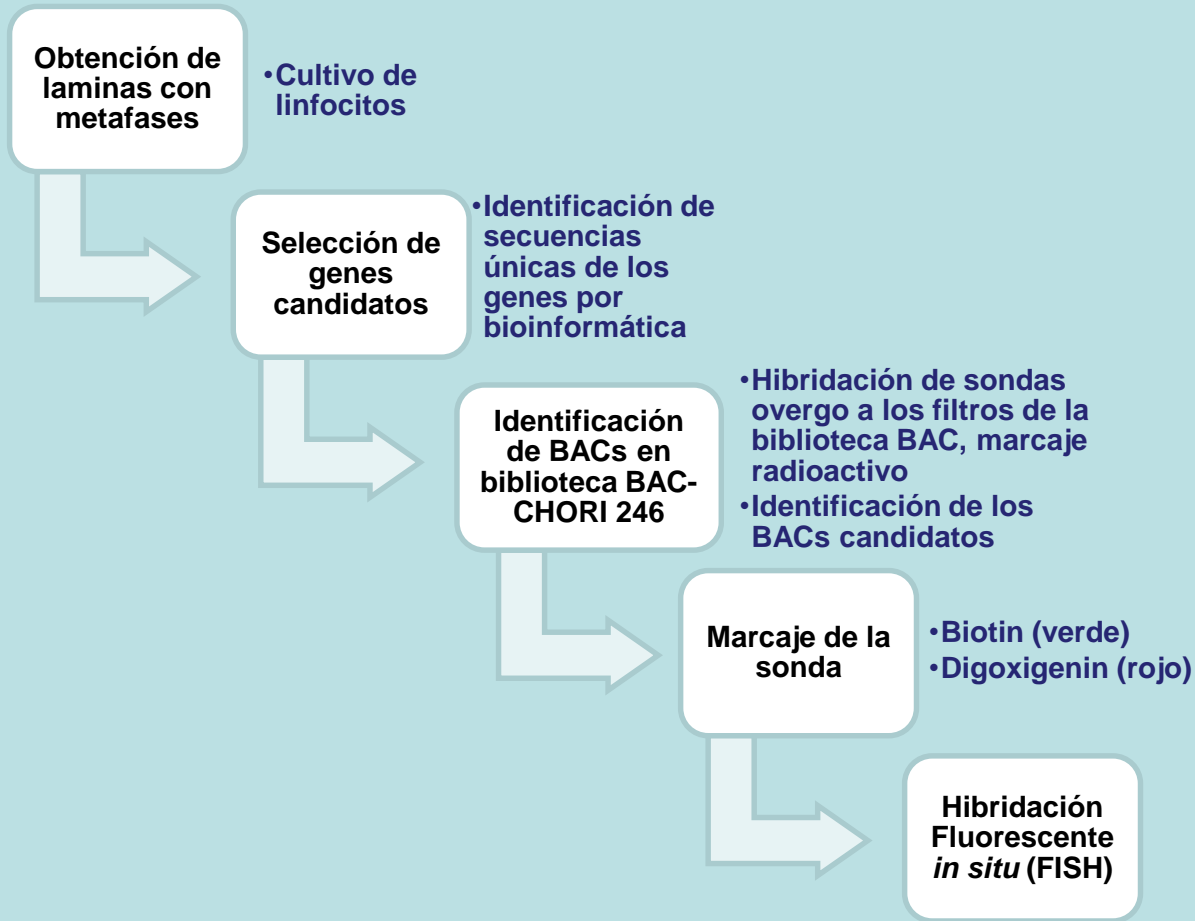
Alvaro Gonzalo Fernández Suárez*¹, Gustavo Augusto Gutiérrez Reynoso¹, Federico Abel Ponce de León Bravo²

1 Universidad Nacional Agraria La Molina, Perú.

2 University of Minnesota, United States.

**48 PNSs potenciales en las regiones intrónicas y exónicas de 22 genes de keratinas
(Gonzales, Gutiérrez y Ponce de León, 2019)**

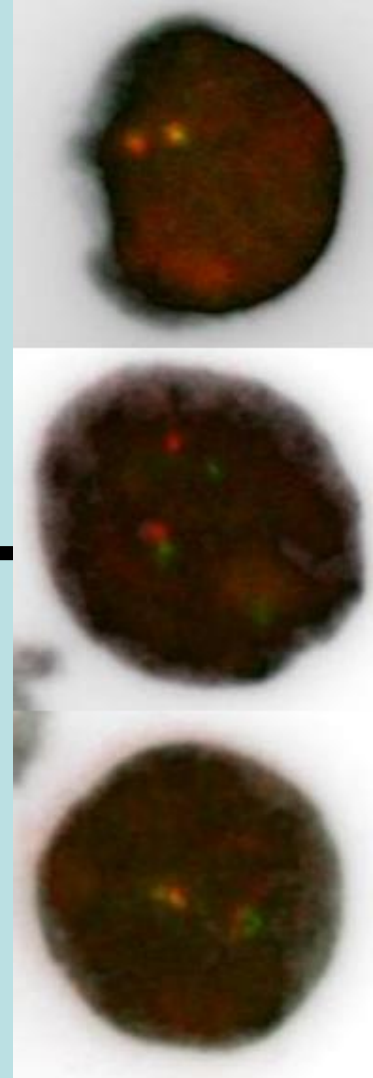
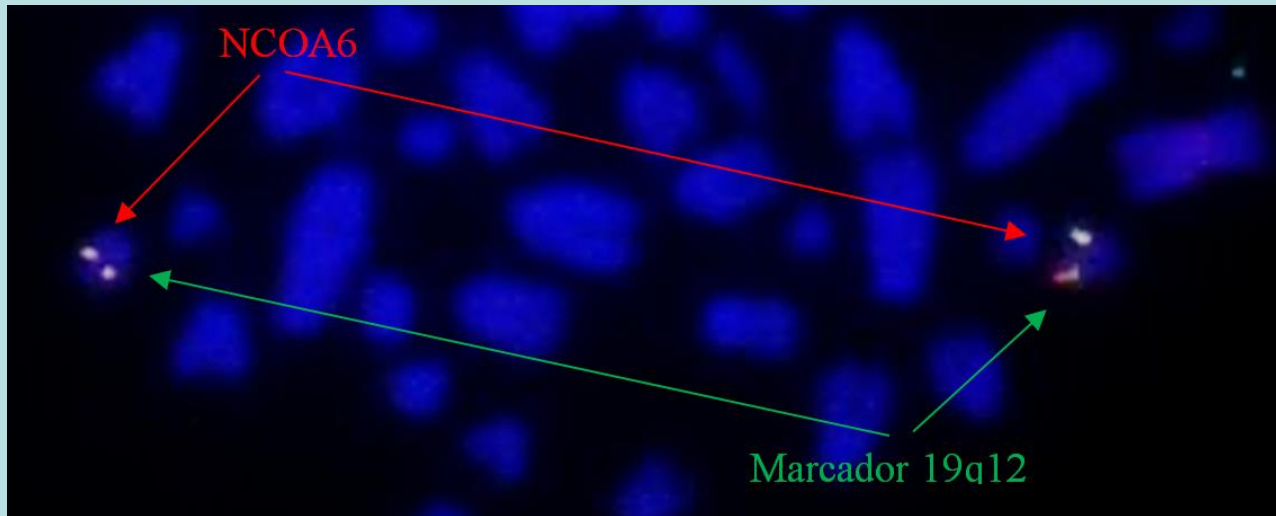
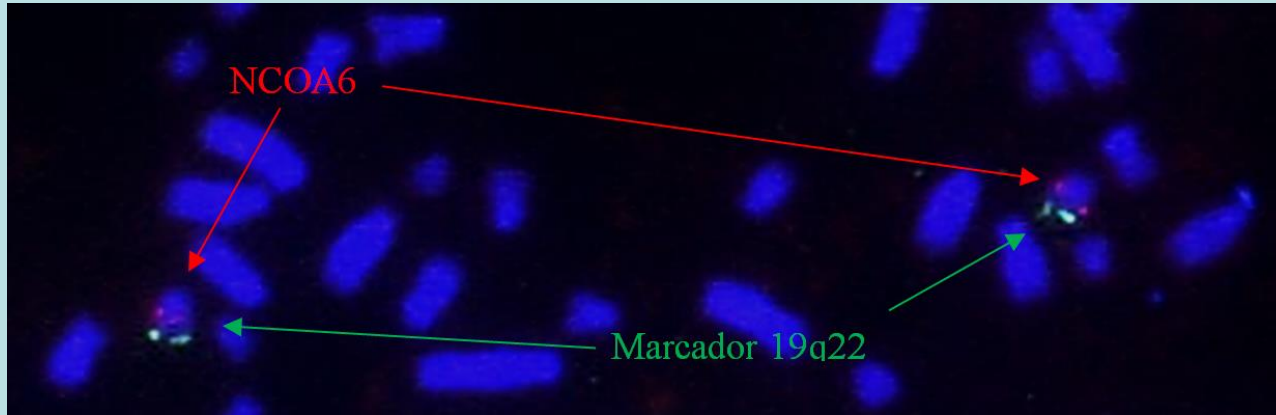
Localización de genes y PNSs mediante FISH



GEN	Localización
ALX3	9q24-q25
COL1A1	16q13
CTNNB1	17q12-q13
DAB2IP	4q34
KRT15	16q
KRTAP13-1	1q33
NCOA6	19q12
SOX9	16q17
TNFSF12	16p13-p12
ZIC1	1q13-q14
ZIC5	14q15-q16

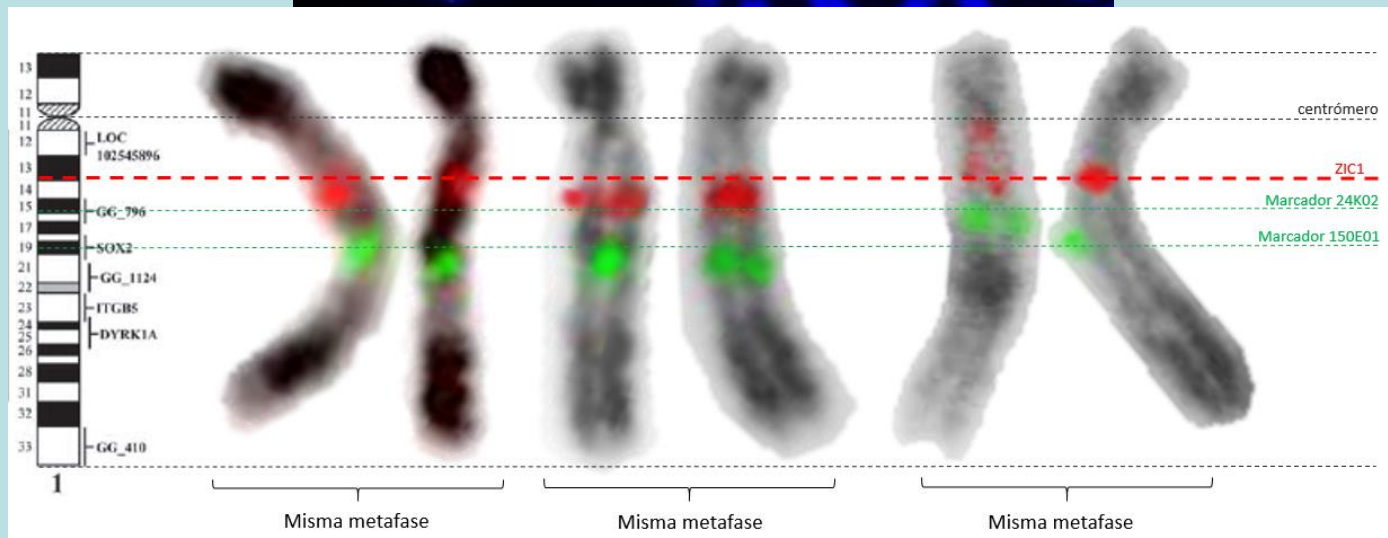
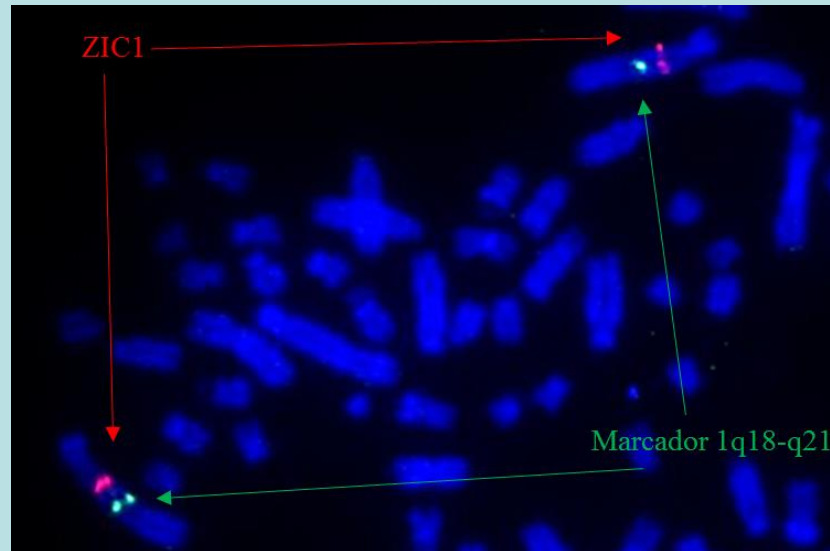
NCOA6

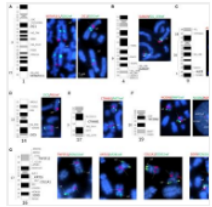
(19q12)



ZIC1

1q13-q14





Chromosomal Localization of Candidate Genes for Fiber Growth and Color in Alpaca (*Vicugna pacos*)

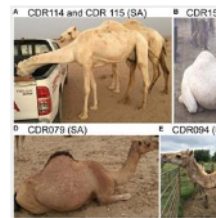
Mayra N. Mendoza , Terje Raudsepp , Fahad Alshanbari , Gustavo Gutiérrez and F. Abel Ponce de León

Original Research The alpaca (*Vicugna pacos*) is an economically important and cultural signature species in Peru. Thus, molecular genomic information about the genes underlying the traits of interest, such as fiber properties and color, is critical for improved ...

Published on 19 June 2019

Front. Genet. doi: 10.3389/fgene.2019.00583

GEN	Cromosoma
<i>MC1R</i>	21
<i>ASIP</i>	15
<i>TYRP1</i>	4



Comparative FISH-Mapping of MC1R, ASIP, and TYRP1 in New and Old World Camelids and Association Analysis With Coat Color Phenotypes in the Dromedary (*Camelus dromedarius*)

Fahad Alshanbari , Caitlin Castaneda , Rytis Juras, Andrew Hillhouse , Mayra N. Mendoza , Gustavo A. Gutiérrez , Federico Abel Ponce de León and Terje Raudsepp

Original Research Melanocortin 1 receptor (MC1R), the agouti signaling protein (ASIP) and tyrosinase related protein 1 (TYRP1) are among the major regulators of pigmentation in mammals. Recently, MC1R and ASIP sequence variants were associated with white and ...

Published on 16 April 2019

Front. Genet. doi: 10.3389/fgene.2019.00340



Universidad Nacional Agraria
LA MOLINA



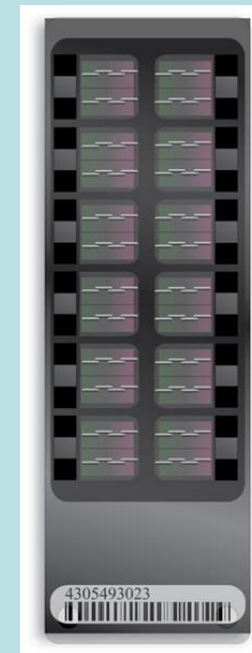
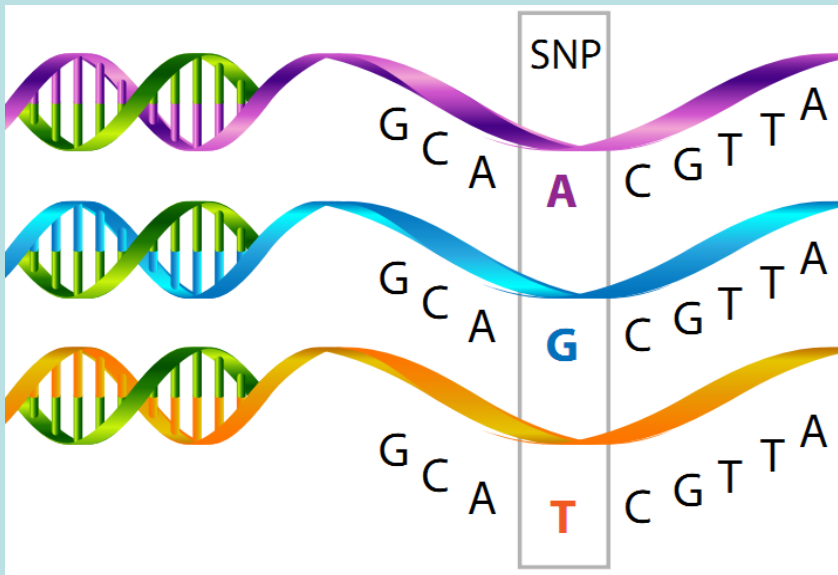
INIA
INSTITUTO
NACIONAL
DE INNOVACIÓN
AGRARIA
Ministerio de Agricultura y Riego



Programa Nacional de Innovación Agraria

PROYECTO DE INVESTIGACION ESTRATEGICA PRIORIZADA:

Identificación de polimorfismos de nucleótidos simples (PNSs) y desarrollo de un chip de PNSs para la implementación de tecnologías avanzadas de mejora genética en alpacas huacaya



Avances

- Colección de sangre y extracción de ADN de 150 alpacas
- Preparación de 2 bibliotecas reducidas de ADN por alpaca: ApeKI y PstI-MspI (AgResearch).
- Secuenciamiento las bibliotecas reducidas de ADN y 6 genomas a 30x (AgResearch).
- 4'283,956 PNSs identificados
- Selección preliminar de 53,114 PNSs con cobertura estimada del 92% del genoma

Acciones futuras

- Identificación y localización de mayor número de PNSs
- Implementación de laboratorio FISH en la UNALM
- Duplicación de una librería BAC de Alpaca (CHORI-246)
- Construcción de un chip de alpacas 50k-90k
- Estudios de asociación de PNSs (960 alpacas) y caracteres de interés: finura, peso de vellón.
- Selección asistida por marcadores PNSs en alpacas



Agradecimientos



INIA-SUDIRGEB
INCA TOPS SA - Pacamarca
Michell & CIA- Malkini
GAGOCEN
SOGAMU
CC San Pedro de Racco
University of Minnesota
Iowa State University
Universidad Complutense de Madrid
Texas A&M
IMBICE



Gracias

