

## RESUMEN

Autor [Mendoza Cerna, M.N.](#)  
Autor corporativo [Universidad Nacional Agraria La Molina, Lima \(Peru\). Escuela de Posgrado, Maestría en Producción Animal](#)  
Título [Localización de genes y marcadores moleculares de alpaca \(Vicugna pacos\) mediante la técnica de hibridación fluorescente in situ \(FISH\)](#)  
Impreso Lima : UNALM, 2019

### Copias

Ubicación	Código	Estado
Sala Tesis	<a href="#">L10. M455 - T</a>	EN PROCESO
Descripción	90 p. : 37 fig., 2 tablas, 79 ref. Incluye CD ROM	
Tesis	Tesis (Mag Sc)	
Bibliografía	Posgrado : Producción Animal	
Sumario	Sumarios (En, Es)	
Materia	<a href="#">ALPACA</a> <a href="#">GENES</a> <a href="#">MARCADORES GENETICOS</a> <a href="#">TECNICAS ANALITICAS</a> <a href="#">HIBRIDACION</a> <a href="#">POLIMORFISMO DE UN SOLO NUCLEOTIDO</a> <a href="#">LOCALIZACION DE GENES</a> <a href="#">CULTIVO DE CELULAS</a> <a href="#">INGENIERIA GENETICA</a> <a href="#">EVALUACION</a> <a href="#">PERU</a> <a href="#">HIBRIDACION FLUORESCENTE IN SITU</a> <a href="#">FISH</a> <a href="#">CULTIVO DE LINFOCITOS</a> <a href="#">PSN</a>	
N° estándar	PE2019000457 B / M EUVZ L10	

El presente trabajo tuvo como principal objetivo localizar genes y marcadores moleculares de alpaca (*Vicugna pacos*) mediante la técnica de Hibridación Fluorescente in situ (FISH). Para lo cual se plantearon los siguientes objetivos específicos: a) Estandarización de un protocolo de cultivo de linfocitos de alpaca y; b) Localización de genes candidatos para características de diámetro y color de fibra, y marcadores moleculares de Polimorfismo de nucleótido simple (PNS), a regiones cromosómicas mediante la técnica FISH. Para la realización de la primera parte de este trabajo se evaluaron dos protocolos de cultivo celular. Por otro lado, a fin de localizar físicamente genes y PNSs a cromosomas de alpacas, se tuvo que tener acceso a una biblioteca BAC-CHORI 246 del genoma de alpaca. Marcaje radioactivo de sondas de genes y PNSs marcadas radioactivamente se usaron para hibridar filtros representativos de la biblioteca, con lo cual se identificaron 326 clones de BAC que putativamente corresponden con los genes a mapear. Como resultado se ha desarrollado un protocolo estandarizado para la obtención de células metafásicas a partir del cultivo de linfocitos de alpaca en un laboratorio especializado de la Universidad Nacional Agraria la Molina (UNALM). A su vez, ha sido posible localizar los genes ALX3, CHD7, CTNNB1, COL1A1, DAB2IP, KRT15, KRTAP13-1, NCOA6, SOX9, TNFSF12, ZIC1, ZIC5 a los cromosomas 9, 29, 16, 17, 4, 16, 1, 19, 16, 16, 1 y 14 respectivamente. También ha sido posible estimar las ubicaciones de los

PNSs BovineHD0700019108, BovineHD0800012560 y BovineHD2000012425, y los grupos ligados a los cuales pertenecen, a los cromosomas 29, 9 y 17, respectivamente.

## **Abstract**

The main objective of this work was to locate genes and molecular markers of alpaca (*Vicugna pacos*) using the Fluorescent in situ Hybridization (FISH) technique. For which the following specific objectives were proposed: a) Standardization of a cell culture protocol for alpaca lymphocytes and; b) Location of candidate genes for fiber diameter and color characteristics, and molecular markers of single nucleotide polymorphism (SNP), to chromosomal regions using the FISH technique. To carry out the first part of this work, two cell culture protocols were evaluated from alpaca lymphocytes. To physically locate genes and PNSs to alpaca chromosomes, it was necessary to have access to a BAC-CHORI 246 library of the alpaca genome. Radioactive labeling of gene and SNP probes hybridized to representative filters identified 326 BAC clones that putatively corresponded to the genes to be mapped. As a result, a standardized protocol has been developed for obtaining metaphase cells from the culture of alpaca lymphocytes in a specialized laboratory of the Universidad Nacional Agraria la Molina (UNALM). In turn, it has been possible to localize the genes ALX3, CHD7, CTNNB1, COL1A1, DAB2IP, KRT15, KRTAP13-1, NCOA6, SOX9, TNFSF12, ZIC1, ZIC5 to chromosomes 9, 29, 16, 17, 4, 16, 1, 19, 16, 16, 1 and 14 respectively. It has also been possible to estimate the locations of the SNPs BovineHD0700019108, BovineHD0800012560 and BovineHD2000012425, and the linkage groups to which they belong, to chromosomes 29, 9 and 17, respectively.