

Diversidad genética de papas nativas en la región sur-oeste del departamento de Junín, Perú

Roca, Luis A.¹; Núñez, Jorge¹; Rodríguez, Flor¹; de Haan, Stef¹.

¹ Centro Internacional de la Papa (CIP), Lima, Perú. E-mail: l.roca@cgiar.org.

Introducción

El conocimiento y acceso a la biodiversidad de recursos fitogenéticos es de vital importancia para enfrentar y asegurar la alimentación mundial [1]. Es así como la pérdida de diversidad restringe nuestra capacidad para responder a cambios climáticos y/o demográficos, siendo estos cada vez más intensos y perjudiciales para la biodiversidad [2]. La conservación *in situ* es un sistema utilizado para describir, evaluar, analizar y anticipar los efectos que atentan contra los recursos fitogenéticos. Dentro de este sistema el estudio genético es de gran ayuda para el entendimiento de la biodiversidad. Uno de los microcentros importantes de papas nativas en el Perú se encuentra en el departamento de Junín. Lamentablemente no se cuenta con una estimación de diversidad genética, por lo que presentamos los primeros estimados de diversidad.

Objetivo

Estimar la diversidad genética de papas nativas en la región suroeste del departamento de Junín. Evaluar la estructura genética dentro y entre las subpoblaciones de la población.

Materiales y Métodos

Se utilizaron 444 cultivares nativos provenientes de 7 comunidades en 3 provincias alto andinas del departamento de Junín. Se extrajo ADN mediante el método de Doyle & Doyle modificado [3] a partir de folíolos, utilizándose luego 23 marcadores microsatélites [4] para su caracterización. Se utilizaron diferentes parámetros genéticos, tales como la riqueza alélica, heterocigocidad, matrices de disimilitud, agrupamientos (UPGMA) e identificación del haplotipos iguales (cultivares con disimilitud=0). Por último se utilizó AMOVA para evaluar la estructura genética de la población.

Resultados

Se identificaron un total de 158 alelos, con un rango de 2-13 alelos por marcador; de los cuales, 135 fueron compartidos en las 7 comunidades. Así mismo, se encontraron 23 alelos exclusivos para toda la población. Por otro lado el 20.3% de alelos encontrados tienen una frecuencia menor al 1% (alelos raros [5]). El valor promedio de heterocigocidad de las comunidades fue de 0.67, encontrándose en el rango de 0.64-0.70. De un total de 444 cultivares

se encontró que el 96.8% de los haplotipos fueron únicos, siendo 7 el número de haplotipos iguales encontrados en la población. El AMOVA muestra que el 98% de la variación molecular se encuentra dentro de las comunidades, con un índice de fijación: $F_{st}=0.019$, revelando que no existe estructura genética poblacional diferenciada entre las comunidades

Conclusiones

Los valores de riqueza alélica, heterocigocidad y los agrupamientos permiten estimar que los 516 cultivares evaluados en la región suroeste del departamento de Junín son diversos. Por otro lado, el número de haplotipos diferentes y haplotipos únicos encontrados, permite concluir que no existe un intercambio frecuente entre las comunidades y que la diversidad de cultivares es alta y únicos para cada comunidad. A partir de los resultados de AMOVA se concluye que la región suroeste de Junín, ha conservado su acervo genético. Sin embargo debido a la falta de investigaciones, a nivel molecular, de la región de estudio es imposible determinar si existieron o no cambios evolutivos en el transcurso de los años. Por tal motivo es importante, ahora que se posee una línea base, monitorear en los próximos años este microcentro de diversidad de papas nativas, en búsqueda de posibles erosiones genéticas producto de cambios climáticos, evolutivos y/o demográficos.

Referencias bibliográficas

- [1] FAO. 2010. The second report on the state of the world's plant genetic resources for food and agriculture. Rome, 372 pp.
- [2] BAENA, M., JARAMILLO, S., MONTOYA, JE. 2003. Conservación In Situ de la Diversidad Vegetal en Áreas Protegidas y en Fincas. Ed. IPGRI. Cali-Colombia, s.e.
- [3] HERRERA, M., GHISLAIN, M. 2000. Molecular biology laboratory protocols plant genotyping training manual. CIP.
- [4] GHISLAIN, M., NÚÑEZ, J., HERRERA, M., PIGNATARO, J., GUZMAN, F., BORNIERBALE, M., SPOONER, D. 2008. Robust and highly informative microsatellite-based genetic identity kit for potato. *Molecular Breeding* 23(3): 377-388.
- [5] DE HAAN, S. 2009. Potato diversity at height: multiple dimensions of farmer-driven in-situ conservation in the Andes. Pags. 245 pp. Lima, Wageningen University.