



# Diversidad genética de papa nativa cultivada (*solanum* sp.) que preservan los agroecosistemas de tres comunidades de Huancavelica – Perú

Genetic diversity of cultivated native potato (*solanum* sp.) That preserves the agroecosystems of three communities of Huancavelica – Peru

Jorge Manuel Montalvo Otivo<sup>1</sup>

**Recibido:** 22 de Marzo del 2024 / **Aceptado:** 16 de abril del 2024

## RESUMEN

La papa (*Solanum* sp.) y sus parientes silvestres pertenecen a la sección Petota. La delimitación de especies de esta sección es complicada debido a varios niveles de ploidía, alta heterocigocidad y frecuente hibridación interespecífica; la diversidad genética de papa nativa en el entorno agroecológico andino, es sujeto a procesos dinámicos fundamentalmente entre la cultura tradicional campesina y el medio ambiente.

El propósito, fue estudiar la diversidad genética de papas nativas cultivadas (*Solanum* sp.) a nivel molecular, que preservan los agroecosistemas de tres comunidades de la Región Huancavelica en Perú.

Se sembró 131 colectas; usando 12 marcadores moleculares microsatélites nucleares “SSR”, se registró: 116 alelos en 12 cromosomas, e identificó 51 haplotipos: 45 en Santa Cruz de Paccho Molinos, 20 en Chanquil, 16 en Huayanay con un 61.1 % de duplicados.

El análisis de Varianza Molecular muestra que el 99,3% de la variación total se encuentra dentro de las comunidades, y entre comunidades es 0.70 %, existe variación genética en las colecciones de los agricultores; el índice de fijación ( $F_{st} = 0,07\%$ ) indicó la baja estructuración genética, por tanto, existe individuo o individuos diferentes dentro de cada comunidad.

Esta variación genética, debe ser usada en programas de mejoramiento genético.

**Palabras claves:** *Solanum*, diversidad, genotipos, haplotipos, microsatélites.

## ABSTRACT

The potato (*Solanum* sp.) and its wild relatives belong to the Petota section. Species delimitation of this section is complicated due to various ploidy levels, high heterozygosity, and frequent interspecific hybridization; The genetic diversity of native potatoes in the Andean agroecological environment is subject to dynamic processes mainly between traditional peasant culture and the environment.

The purpose was to study the genetic diversity of cultivated native potatoes (*Solanum* sp.) at the molecular level, which preserve the agroecosystems of three communities in the Huancavelica Region in Peru.

131 collections were planted; Using 12 nuclear microsatellite “SSR” molecular markers, 116 alleles were recorded on 12 chromosomes, and 51 haplotypes were identified: 45 in Santa Cruz de Paccho Molinos, 20 in Chanquil, 16 in Huayanay with 61.1% duplicates.

The Molecular Variance analysis shows that 99.3% of the total variation is found within communities, and between communities it is 0.70%, there is genetic variation in farmers' collections; The fixation index ( $F_{st} = 0.07\%$ ) indicated low genetic structuring, therefore, there is a different individual or individuals within each community.

This genetic variation must be used in genetic improvement programs.

**Keywords:** *Solanum*, diversity, genotypes, haplotypes, microsatellites.

## 1. INTRODUCCIÓN

Si bien la papa es considerada como uno de los alimentos más importantes a nivel nacional y mundial, para promover su uso es necesario analizarlos, ya que lo que no se conoce no se puede utilizar (Sevilla & Holle, 2004). Ciertas variedades

✉ Jorge Manuel Montalvo Otivo  
jorge.montalvo@unh.edu.pe

<sup>1</sup> Universidad Nacional de Huancavelica

mejoradas liberadas en los últimos 70 años tuvieron una vida muy efímera; se han lanzado más de 70 nuevas variedades, de las cuales 2 o 3 han sido exitosas; de esta larga lista, hay muchas variedades, pese haber tenido un inicio muy auspicioso, causando expectativa e interés de los agricultores, tuvieron una vigencia breve por mostrar una adaptación insatisfactoria a ciertas condiciones ecológicas y susceptibilidad marcada a una plaga (Mendoza, 2011). La Región Huancavelica en Perú es portadora de una riqueza incalculable de papas nativas y constituye fuente de recurso fitogenético, para el mejoramiento vegetal e ingeniería genética (CIP & FEDECH, 2006; De Haan, 2009; INEI, 2011). La diversidad genética de papa nativa en el entorno agroecológico andino, es sujeto a procesos dinámicos fundamentalmente entre la cultura tradicional campesina y el medio ambiente. El 70% de la producción nacional rural de papa se ubica entre los 2 800 hasta los 4 500 msnm, se realiza bajo régimen de precipitación pluvial, y es afectado constantemente por extremos cambios bióticos y abióticos causada por el cambio climático (Tapia, 2003).

Por tanto, la única forma de obtener genes cuantitativos y cualitativos de producción, resistencia y calidad, es de la agrobiodiversidad autóctono andino; lugar donde existe mayor

diversidad genética, preservan los recursos fitogenéticos y cultivan en condiciones cambiantes del clima (Tapia, 2003).

En Perú, con tanta diversidad genética (Sevilla & Holle, 2004), no se tiene aún caracterizada la diversidad por regiones y mucho menos por comunidades; cada comunidad presenta un número diferente de especies. Existen variedades de papa nativa que todavía no están caracterizadas, inventariadas; no pertenecen a alguna colección de bancos de germoplasma, mucho menos conocemos el grado de parentesco "similaridad genética", entre ellas (Sevilla & Holle, 2004; De Vicente y Fulton, 2004).

Es necesario cuantificar la diversidad genética de papa nativa (*Solanum* sp.) que preservan los agroecosistemas del Perú y usarlos en programas de conservación, mejora vegetal y seguridad alimentaria (Tapia, 2003; Bernardo, 2015; Roca, 2015). La presente investigación es parte de la evaluación de la diversidad genética de papa nativa cultivada de la Región Huancavelica.

El propósito fue estudiar la diversidad genética de papas nativas cultivadas (*Solanum* sp.) a nivel molecular, que preservan los agroecosistemas de tres comunidades de la Región Huancavelica en Perú.

## 2. MATERIAL Y MÉTODOS

La ubicación geográfica es de tres comunidades; donde se colectó e identificó a los custodios que conservan alta diversidad de papa nativa.

**Tabla 1.** Ubicación y número de colectas de papa nativa de la región Huancavelica.

Región Huancavelica						
Provincia	Distrito	Comunidad	altitud	latitud	longitud	Colectas, instaladas y estudiadas
Acobamba		Santa Cruz de				
	Paucar	Paccho Molinos	4050 m	12° 41' 11.74" S	74° 41' 01.17" O	58*
	Rosario	C. P. Chanquil	3792 m	12° 45' 44.46" S	74° 39' 08.95" O	24*
	Anta	Huayanay	3906 m	12° 48' 17.80" S	74° 39' 58.77" O	22*

Fuente: elaboración propia.

\* Se logró extraer ADN en todos los cultivares instalados, no se tuvo ninguna pérdida de cultivo.

La metodología de investigación, se llevó a cabo en tres fases: campo, laboratorio y gabinete.

### a. Fase de campo:

Se sembró: 8 tubérculos por colecta, identificado con su nombre común y separados con tarwi.

### b. Fase de laboratorio:

Para la extracción de ADN se usó el método CTAB a pequeña escala (CIP, 2004): se pesó 220 mg de muestra foliar en tubos ependor de 2 ml y se mezcló con el tampón CTAB al 2%, mercaptoetanol, más una esfera cerámica; la

homogeneización se hizo en el Fastprep 5G. Terminado el proceso, el ADN fue secado a temperatura ambiente por 2 horas y se resuspendió en 150 µl de tampón T10E1. La digestión con ARNasa se realizó una vez que el ADN estuvo completamente resuspendido en T10E1; se agregó 3 µl de ARNasa a cada muestra y se incubó a 37 °C durante 1 hora y media. El ADN extraído se cargó en gel de agarosa al 1% y se realizó la electroforesis a 90 voltios por 1 hora. Los geles se prepararon con agarosa (al 1%, grado molecular) y tampón TBE 1x. Se utilizaron moldes medianos con capacidad para 2 peines de 20 pozos. Previo a cargar las muestras al gel, se mezcló 1.5 µl de ADN con 10 µl del tinte (sab 1X: Gel red, 1:5), la calidad del ADN se valoró por observación de las bandas (forma y grosor). La forma nos indicó cuán íntegro estaba el ADN; bandas difusas o presencia de un barrido indicó que el ADN estaba degradado. El grosor indicó cuánto de ADN había sido extraído, comparándose con controles de peso conocido 100, 200, 400 pb. En aquellos casos donde se observaron rastros difusos de ARN (smear), las muestras se volvieron a digerir con ARNasa. El ADN extraído se cuantificó con el equipo Epoch cargándose 2 µl del blanco (tampón T10E1) y 2 µl de muestra (con repetición); la absorbancia del espectrofotómetro estuvo a 230, 260 y 280 nm, dándonos la concentración de la muestra en ng/µl; el software Gen5 registra los resultados del Epoch en un archivo Excel. Se calculó el promedio de las 2 repeticiones y se dividió entre 3 (factor de corrección) para determinar la concentración de las muestras. Las muestras se diluyeron con agua libre de nucleasas hasta alcanzar una concentración de 5 ng/µl, volumen de 180 µl en placas de PCR de 96 pocillos (CIP, 2004).

El método de amplificación PCR se usó 12 de los 24 marcadores micro satélites que conforman el set de Identificación Genética de (CIP, 2004; Ghislain et al., 2004, 2009; Ashkenazi et al., 2001). Se siguió los programas de amplificación estandarizados de acuerdo a la temperatura óptima de unión de cada iniciador a la región flanqueante del microsatélite (Ghislain et al. 2004, 2006, 2009, Spooner et al. 2007, De Haan et al. 2013). Se

repartió 5 µl de “Master Mix” en una placa para PCR de 96 pocillos y se adicionó 5 µl de ADN (concentración de 5 ng/µl). Los procesos se realizaron sobre hielo para evitar degradación del ADN y los reactivos sensibles al calor. Las muestras de ADN de las papas nativas se amplificaron en un volumen final de 10 µl (CIP, 2004). Terminada la amplificación, se agregó 5 µl del tampón de carga Blue Stop Solución a cada pocillo de la placa y se cubrió con papel aluminio para que la luz no degrade los fluoróforos, los cuales marcaron los fragmentos amplificados. La detección se los segmento de amplificados de ADN, se detectó con el método de poliacrilamida 6%; urea 7M, y una tinción con nitrato de plata (CIP 2004). El software de análisis SAGA GT registró los alelos SSR; tomó en cuenta aquellas bandas que mostraron una morfología definida (Ghislain et al., 2004, 2009). Se registraron los datos de los diferentes alelos en una matriz binaria: a los presentes se les asignó el valor de 1 y a los ausentes el valor de 0. Cuando las muestras no presentaron amplificación en SSR dado, estas se consideraron como datos perdidos y se asignó el valor 9 para todos los alelos encontrados para ese SSR en las demás muestras (Ghislain et al., 2004, 2009). Al final el programa reportó tamaños de alelos de un microsatélite encontrados por muestra. Este reporte se transfirió a un archivo Excel para generar la matriz de unos y ceros. A partir de los resultados moleculares, se construyó la matriz básica de datos moleculares “MBDmo” “doble estado”; se analizó su similitud y construyó el dendograma, se calculó la matriz cofenética y su correlación en cada punto (test Mantel) (Soto, 2006).

#### c. Fase de gabinete

El trabajo de gabinete fue realizado en las instalaciones de la Universidad Nacional de Huancavelica, julio del 2020 a marzo 2023. Se utilizó, el paquete de software NTSYSpC 2.2 (Rohlf, 1998) para calcular la distancia genética y construir el dendograma. También se utilizó el software Arlequin 3.5.2.2, para analizar estadísticamente el número de alelos, la frecuencia de haplotipos y el análisis de varianza molecular (análisis no paramétrico AMOVA) (Gonzales, 2016).

### 3. RESULTADOS

#### 3.1. COLECCIÓN DE PAPAS NATIVAS

Se colectó 131 cultivares de papa nativa en tres comunidades de la Región Huancavelica “Santa Cruz de Paccho Molinos, Chanquil y Huayanay”, se instaló las colectas en cada comunidad (Tabla 1).

#### 3.2. PERFIL GENÉTICO DISTINTIVO DE CADA CULTIVAR

La correlación en cada comunidad es alta, según la matriz cofenética y de similaridad, que va de 90.0% a 95.0%.

**Tabla 2.** Análisis del Correlación, t-test Mantel y diversidad molecular.

Comunidad	correlación: r =	Mantel t-test: t =	p. val	Colectas	Haplotipos únicos	Genotipos duplicados	N° de loci polimórfico	media heterocigotos
<b>Santa Cruz de Paccho Molinos</b>	0.9	16.2	1	85	45	40	99	0.2111
<b>C. P Chanquil</b>	0.93	6.22	1	24	20	4	80	0.262
<b>Huayanay</b>	0.95	11.66	1	22	16	6	58	0.33
<b>Global</b>	0.9	19.78	1	131	51	80	116*	0.2677

Fuente: elaboración propia.

\* Se detecto 116 loci, para fines de análisis molecular se consideró como haplotipos.

No existió distorsión de datos moleculares en las tres comunidades, la prueba Mantel confirma la correlación de los datos a un p valor de 1.

Los marcadores moleculares microsatélites “SSR”, permitió un análisis más profundo de la estructura y variabilidad genética de papa nativa y accedió identificar los haplotipos o perfil genético distintivo de cada cultivar en determinadas regiones del ADN y estas ubicadas en los cromosomas (Figura 1, tabla 4.).

Según la tabla 2 y tabla 4, se identificó 51 haplotipos (cultivares únicos): 45 en Santa Cruz de Paccho Molinos, 20 en Chanquil, 16 en Huayanay, con un 61.1 % de duplicados (Tabla 2, tabla 4 y Figura 1); estos haplotipos indican la presencia o ausencia de un determinado marcador molecular SSR en las regiones del ADN, ubicados en los cromosomas de *Solanum* sp.

Por un lado; De Haan (2009) empleó 18 SSR polimórficos para estudiar 989 accesiones en la zona norte, centro y sur de la Región Huancavelica y encontró 406 cultivares únicos (De Haan, 2009; De Haan et al., 2013).

Por otro lado, Montalvo (2019), caracterizó 425 entradas de papa nativa (*Solanum* sp.), con 12 SSR, en la zona centro de la Región Huancavelica e identificó 198 genotipos a un coeficiente de similitud de 1 y 50.1% de duplicados.

La presente investigación, identificó 51 haplotipos (cultivares únicos), De Haan (2009) que encontró 406 cultivares únicos, Montalvo (2019) encontró 198 cultivares únicos; esta diferencia puede explicarse por la cantidad de cultivares que tienen estas comunidades, ubicación, urbanización, tamaño de la muestra, distanciamiento de las investigaciones, desplazamiento del cultivo, pérdida de estos cultivos o erosión genética.

### 3.3. IDENTIFICACION DE HETEROCIGOTOS Y LOCI POLIMORFICOS.

Los loci polimórficos en las tres comunidades, va de 58 a 99 loci de los 116 identificados, es un indicativo de la alta tasa de multi-locus encontrados en cada microsatélite estudiado (tabla 2); la figura 3, presentó la distribución de frecuencia en cada locus por comunidad y en la comunidad de Santa Cruz de Paccho Molinos, se tuvo la mayor presencia de locus estudiados, en comparación a las otras dos.

### 3.4. Estructuración y variación genética entre y dentro de las comunidades.

El Análisis de la Varianza Molecular “AMOVA” (Tabla 3) permitió analizar la estructuración y variación genética entre y dentro de las comunidades. La mayor variación genética, está dentro de las comunidades 99.30 % y en menor grado entre comunidades 0.70 %; por tanto, existe variación genética en las

colecciones de los agricultores custodios de la Región Huancavelica, pudiendo

existir especies diferentes dentro de las comunidades.

**Tabla 3.** Análisis de varianza molecular de provincias y zonas.

F.V	GL	SC	CM	Componentes de varianza	por ciento de variación
<b>Entre comunidades</b>	2	25.557	0.010	0.07276 Va	0.70
<b>Dentro de comunidades</b>	128	1320.11	0.981	10.31333 Vb	99.30
<b>Total</b>	130	1345.66		10.386	
Fixation Indices	Va and FST:				
FST: 0.00701	P (rand. value > obs. value) = 0.15054				
	P (rand. value = obs. value) = 0.00000				
	0.01276				
	P-value = 0.15054+-				

Fuente: elaboración propia.

Según la Figura 3 y tabla 3; el índice de fijación,  $F_{st} = 0.7\%$ , indicó la baja estructuración genética; por tanto, debe haber un cultivar o cultivares dentro de

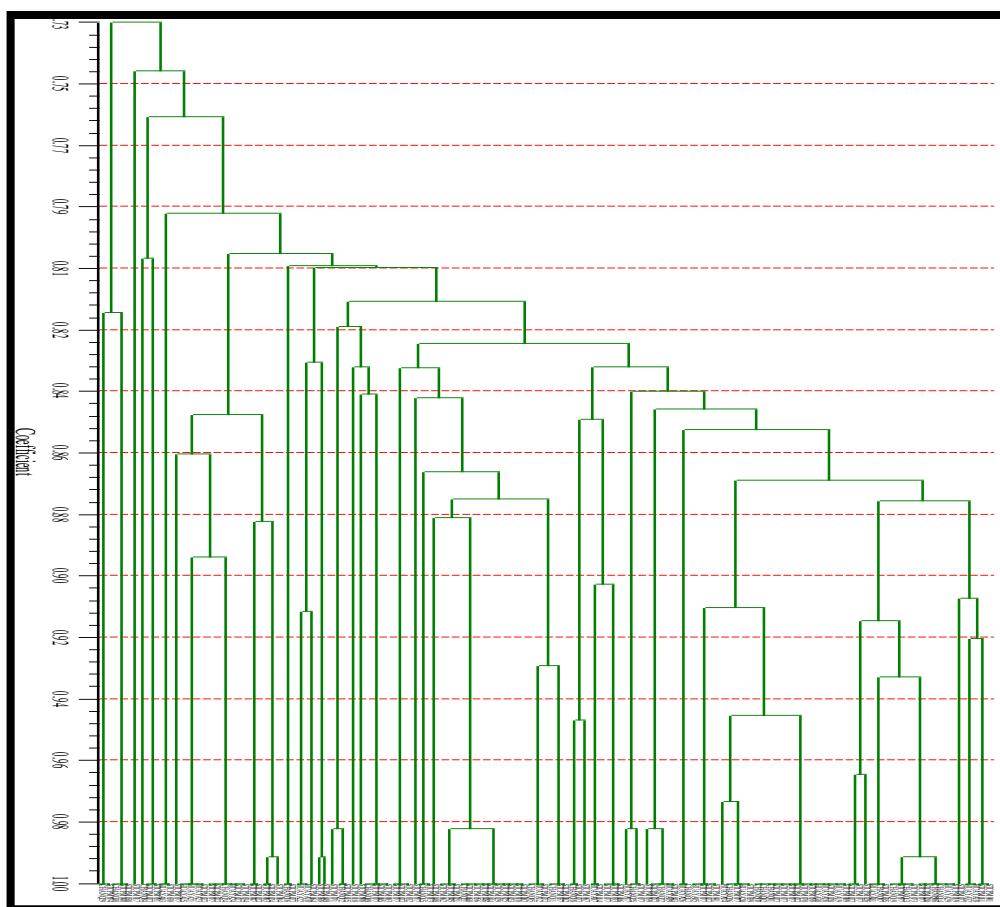
cada comunidad, que pertenezcan a diferentes especies o estén afectados por la deriva génica, mutación o migración.

**Tabla 4.** Haplotipos identificados

Presencia de nucleótidos de determinadas regiones del ADN que son identificadas por el SSR
STCPM0010010000000111111100000100000100000001000100010000000010000000000100000000010
0100000000001000100001000
STCPM0020010000000111111101000000010100000001000010010010000000010001000010000000001
11000000000101000100000101000010001000
STCPM0030010000000111111101000010001100000001000110000010000011000001000010010000000
1000000000000100000001100011000010000
STCPM00400100010001111111000001100011100000011000010011010000011000010000010000100000
10000000100011010000001100000010001100
STCPM00500100000001111111010000100011100000001000110000010000011000001000010010000000
1000000000000100000001100011000010000
STCPM00600100000001111111010100000000100000001000100011000000001010000010010000000001
00000000100100100000000100000010001000
STCPM00700100000001111111010100000011100000011000010001010000001010010000010001000000
10000100100100000100000101000010001000
STCPM00800110000001111111000000100001100000001000110001010000001000010000000010100000
1000000010011100000001100000010001000
STCPM00900100000101111111000001100000100000001000000010010000001000000000001001000000
10000000000000100100000101000010000000
STCPM01000100000001111111010100000011100000011000010001010000001010010000010001000000
10000100100100000100000101000010001000
STCPM01100100000001111111000001000001100000001000100010000000001000000000010000000001
10000000000100100000000001000100001000
STCPM01300100100001111111010100000110100000001011010001010000010000011000011000000000
10000000000100100100000101000010001000
STCPM01400100000001111111010001000000100000001000100010000000001010000010010001000000
10000000000100010000001101000010001000
STCPM01500101000001111111001000100010110000011000110010010000010010001010010000000000
10000010000100100000001101000010001000
STCPM0170010000000000000000101000000101000100010000000100100000000100000100000010000001
01000000000000100100000100000001001000
STCPM01800100000001111111000001100010100000010010110011010000001000011000000010000000
1000000010000110010000100101000000100

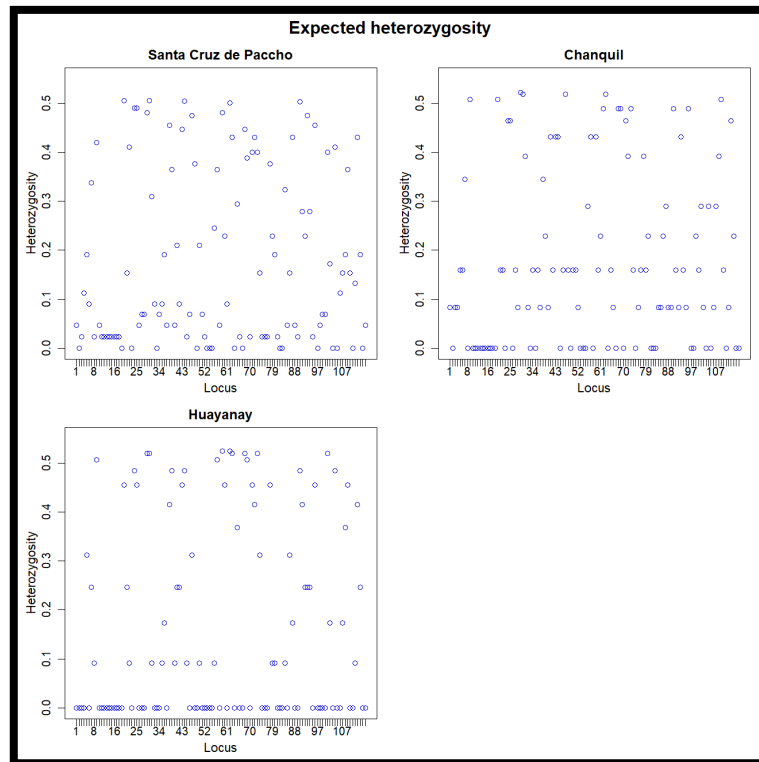
STCPM01900100000101111111010000100001000000000100000000001000001000000000010000100000  
1000000000000100000000101000100001000  
STCPM0200010000010111111101000010000100000000010000001000000000010000100000  
1000000000000100000000101000100001000  
STCPM02100100000001111111101010000001110000001100001000101000000101001000000000000000  
10000100100100000100000101000010001000  
STCPM023001000000011111111010100000011100000011000010001010000001010010000010001000000  
10000100100100000100000101000010001000  
STCPM024001000100011111111000001100011100000011000010011010000011000010000010000100000  
10000000100011010100001100000010001100  
STCPM025001000000011111111010100000011100000011000010001010000001010010000010001000000  
10000100100100000100000101000010001000  
STCPM026001000001011111111010001100011000001001000000010010000001000000000001101000000  
1000000000000100000000101000010001000  
STCPM027001001100111111111000101100110100001011000010010010000011010010000010000110000  
10000000000101010100001100000010001000  
STCPM028001000001011111111000001100000100000001000000010010000001000000000001001000000  
10000000000000010010000010100001000000  
STCPM029001000000011111111010100000011100000011000010001010000001010010000010001000000  
10000100100100000100000101000010001000  
STCPM030001000010011111111000100000011100000010000111010010000001001010000000011000001  
00000100100110100000000101000010011000  
STCPM032001100000011111111000000100010000000000000010010010000001000010010010000000000  
00000100000100000100000100000011000000  
STCPM0330010000000111111110101000000001000000010001000110000000010100000100100000000001  
00000000100100100000000100000010001000

**Figura 1.** Dendograma molecular de Santa Cruz de Paccho Molinos , Chanquil y Huyamay.



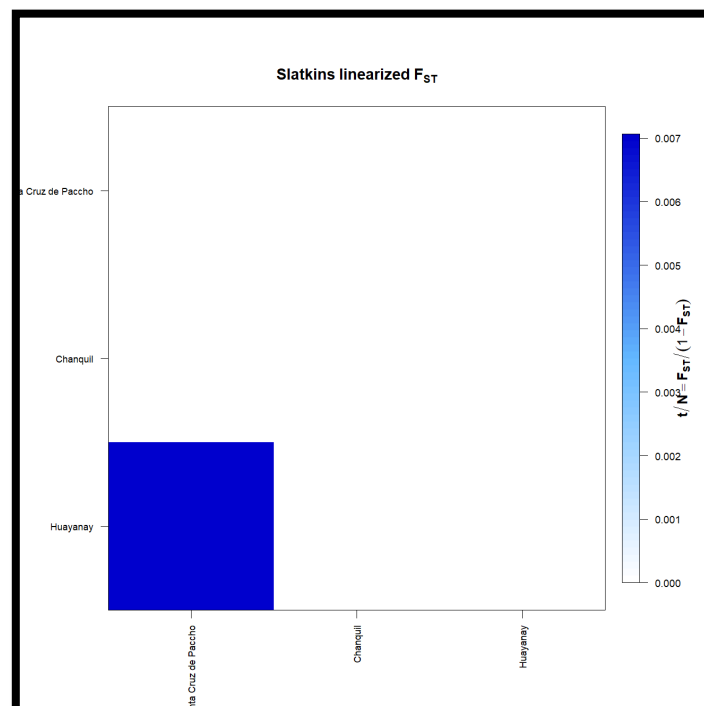
Fuente: elaboración propia.

**Figura 2.** Frecuencia de Heterocigotos



Fuente: Elaboración propia

**Figura 3.** Coeficiente de fijación  $F_{ST}$



Fuente: Elaboración propia

#### 4. DISCUSIÓN

Los 51 haplotipos (cultivos únicos) identificados de los 131 cultivos estudiados, pueden ayudar a resolver problemas actuales de identificación de la misma variedad a la que se le asignan diferentes nombres o diferentes variedades bajo el mismo nombre (es decir, sinonimia y homonimia); en los bancos de germoplasma mejorarían la eficiencia y precisión de la identificación de variedades, proporcionando una base teórica para la futura identificación, protección y mejoramiento de los recursos fitogenéticos; por lo tanto se concuerda con Ouni et. al (2020), Kularb et al, (2022).

Por otro lado, la diferencia de esta investigación con De Haan (2006, 2009), De Haan et al. (2013) y Montalvo (2019) es por el número de cultivares y por la amplitud de comunidades estudiadas.

Se concuerda, la apreciación de tres especies identificadas en la Región de Huancavelica, identificadas por De Haan (2006, 2009), De Haan et al. (2013) y Montalvo (2019) Gavrilenko et al. (2013) y Ovchinnikova et al. (2011); por tanto, no solo existe diversidad genética también existe diversidad de especies.

La variación genética de papa nativa cultivada, se encontró en las colectas de los agricultores custodios, mas no entre comunidades ni distritos. Los resultados obtenidos respaldan los hallazgos por De Haan (2009), De Haan et al. (2013) y Montalvo (2019), considerar que el departamento de Huancavelica, existe mayor variación dentro de

los conservacionistas, que entre las comunidades (Excoffier & Lischer, 2010; De vicente & Fulton, 2004).

Es oportuno y prioritario el análisis molecular, citogenético y morfológicos, para apoyar la reclasificación de las papas cultivadas en cuatro especies: (i) *S. tuberosum*, con dos grupos de cultivares (grupo Andigenum de genotipos andinos de tierras altas que contienen diploides, triploides y tetraploides, y el grupo Chilotanum de variedades locales tetraploides chilenas de tierras bajas); (ii) *S. ajanhuiri* (diploide); (iii) *S. juzepczukii* (triploide); y (iv) *S. curtilobum* (pentaploide); y poder reconfirmar lo propuesto por Gavrilenko et al. (2013) y Ovchinnikova et al. (2011).

El análisis de ADN es el método más poderoso (Ouni et. al 2020; Kularb et al, 2022), y el PCR con marcadores microsatelites SSR ofrecen ventajas de operación simple, buen polimorfismo, bajo costo, con alta especificidad y replicabilidad; lo que los convierte en una herramienta adecuada para la construcción de huellas genética. Las huellas genéticas ofrecen rica información sobre polimorfismos con un alto grado de especificidad individual y estabilidad ambiental. Pueden ayudar a identificar diferencias biológicas entre individuos fenotípicamente similares, lo que la convierte en una poderosa herramienta para identificar especies, cepas, y es particularmente adecuada para analizar los recursos fitogenéticos.

#### 5. CONCLUSIONES

Esta investigación, en general proporciona orientación científica para la identificación, conservación, y utilización de los recursos fitogenéticos de papa nativa en la Región Huancavelica Perú.

Molecularmente se encontraron 51 haplotipos “fingerprints” a un coeficiente de similitud de “1”: 45 en Santa Cruz de Paccho Molinos, 20 en Chanquil, 16 en Huayanay con un 61.1 % de duplicados, confirmandonos que la Región Huancavelica es uno de los centros de mayor conservación de la diversidad genética de papa nativa.

La mayor variación genética en la Región Huancavelica ocurrió dentro de las comunidades

99.30 % y entre comunidades fue mínima 0.70 %, existe variación genética en las colecciones de los agricultores custodios, existiendo también diversidad de especies.

El análisis molecular, indica la baja estructuración genética (índice de fijación,  $F_{st} = 0.7\%$ ), dando indicios de la presencia de un cultivar o cultivares distintos; por tanto, existe especies diferentes entre comunidades en la Región de Huancavelica.

En estas tres comunidades, existe agricultores que se conservan alta agrobiodiversidad de papas nativas; y, cultivadas en sus entornos agroecológicos. Información que debe ser usada en programas de mejoramiento genético como estratégica de seguridad alimentaria.



## 6. AGRADECIMIENTOS

A la Universidad Nacional de Huancavelica, al instituto de investigación de Ciencias e Ingeniería.

A los Docentes, laboratoristas, tesisistas de la Facultad de Ciencias Agrarias.

## 7. REFERENCIA

Ashkenazi V., Chani E., Lavi U., Levy D., Hillel J. & Veilleux R. 2001. Development of microsatellite markers in potato and their use in phylogenetic and fingerprinting analyses. *Genome*, 44(1): 50-62. DOI: <https://doi.org/10.1139/g00-096>.

Bernardo L. 2015. Distribución espacial y genética de poblaciones de papas “kurau” (*Solanum tuberosum* subsp. andigena) en tres provincias de la Región Huánuco. s.l., Universidad Nacional Hermilio Valdizán Huánuco.

CIP (Centro Internacional de la Papa) & FEDECH (Federación Departamental de Comunidades Campesinas de Huancavelica). 2006. Catálogo de variedades de papa nativa de Huancavelica - Perú. CIP. Lima / Perú. <https://hdl.handle.net/10568/101328>.

CIP (Centro Internacional de Papa). 2004. Protocolos de laboratorio de biotecnología aplicada. Tipificación genética. Manual de capacitación.

De Haan S. 2009. Potato Diversity at Height: multiple dimensions of farmer-driven in-situ conservation in the Andes. PhD thesis Wageningen University. The Netherlands. <https://edepot.wur.nl/2715>.

De Haan S., Nuñez J., Bonierbale M., M. & Van der Maesen J. 2013. A Simple Sequence Repeat (SSR) Marker Comparison of a Large In- and Ex-situ Potato Landrace Cultivar Collection from Peru Reaffirms the Complementary Nature of both Conservation Strategies. *Diversity*, 5(3): 505-521. <https://doi.org/10.3390/d5030505>.

De Vicente M.C. & Fulton T. 2004 Tecnologías de marcadores moleculares para estudios de diversidad genética de plantas: Módulos de aprendizaje. En: De Vicente M.C. & Fulton T. (eds.) Módulos de Aprendizaje sobre Marcadores Moleculares, 1-2 Ed. Vol 1 -2. Instituto Internacional de Recursos Filogenéticos (IPGRI), Roma- Italia.

Excoffier L. & Lischer H.E.L. 2010. Arlequin suite ver 3.5: A new series of programs to perform

A los docentes especialistas y laboratoristas de la Escuela Profesional de Agronomía.

En especial a los tesisistas de la Escuela profesional de Agronomía, que sin su esfuerzo no se podría haber concluido el presente trabajo.

population genetics analyses under Linux and Windows. *Molecular Ecology Resources*, 10(3): 564-567. <https://doi.org/10.1111/j.1755-0998.2010.02847.x>.

Ghislain M., Andrade D., Rodríguez F., Hijmans R.J. & Spooner D.M. 2006. Genetic analysis of the cultivated potato *Solanum tuberosum* L. Phureja Group using RAPDs and nuclear SSRs. *Theoretical and Applied Genetics*, 113: 1515-1527. <https://doi.org/10.1007/s00122-006-0399-7>.

Ghislain M., Nuñez J., Herrera M., Pignataro J., Guzman F., Bonierbale M. & Spooner D. 2009. Robust and highly informative microsatellite-based genetic identity kit for potato. *Molecular Breeding*, 23: 377-388. <https://doi.org/10.1007/s11032-008-9240-0>.

Ghislain M., Spooner D., Rodríguez F., Villamon F., Nuñez J., Vasquez C., Waugh R. & Bonierbale M. 2004. Selection of highly informative and user-friendly microsatellites (SSRs) for genotyping of cultivated potato. *Theoretical and Applied Genetics*, 108: 881-890. <https://doi.org/10.1007/s00122-003-1494-7>.

Gómez R. 2000. Guía para las Caracterizaciones Morfológicas Básicas en Colecciones de Papas Nativas. CIPotato. Lima - Perú.

Gonzales F. 2016. Análisis multivariado. UACH. México.

INEI (Instituto Nacional de Estadística e informática). 2011. Evolución de la pobreza [en el Perú] al 2010. INEI. Perú. [https://www.inei.gob.pe/media/MenuRecursivo/publicaciones\\_digitales/Est/lib0990/libro.pdf](https://www.inei.gob.pe/media/MenuRecursivo/publicaciones_digitales/Est/lib0990/libro.pdf).

Kularb L, Kitiya A, Sompong C, Prakrit S. 2022. Diversidad genética molecular del acervo genético del frijol alado en Tailandia evaluada mediante marcadores SSR. *Planta hortica J*. 2022; 8:81–8.

Mendoza H.A. 2011. Selección de variedades de papa. Primera edición. Alcántar H. (ed.). Lima – Perú.

Montalvo Otivo, J. M. (2019). Diversidad genética de papa nativa cultivada (*Solanum* sp) de cuatro comunidades de Huancavelica-Perú.

Ouni R, Zborowska A, Sehic J, Choulak S, Hormaza JI, Garkava-Gustavsson L, et al. 2020. Diversidad genética y estructura del germoplasma de pera local de Túnez según lo revelado por los marcadores SSR. *Planta hortica J.* 2020;6:61–70.

Roca L.A. 2015. Análisis de la diversidad genética de papas nativas de la zona suroeste del Departamento de Junín mediante el uso de marcadores moleculares microsatélites. Tesis para optar el Título de Biólogo. Universidad Nacional Agraria La Molina. <http://repositorio.lamolina.edu.pe/handle/UNALM/1885>.

Rohlf F.J. 1998. NTSYSpc Numerical Taxonomy and Multivariate Analysis System. User Guide. Version 2.0. Applied Biostatistics Inc. Setauket / New York.

Sevilla R., & Holle M. 2004. Recursos genéticos vegetales. Editorial Luis León Asociados, SRL.

Soto J. 2006. Análisis de la diversidad genética de papa nativa (*Solanum* spp.) de los departamentos de Ayacucho, Cajamarca, Cuzco, Huancavelica y Puno - Perú, mediante el uso de marcadores moleculares microsatélites. Tesis para optar el Título profesional de Biólogo con Mención en Biología Celular y Genética. Universidad Nacional Mayor de San Marcos.

Spooner D., Núñez J., Trujillo G., Herrera MR., Guzmán F. & Ghislain M. 2007. Extensive simple sequence repeat genotyping of potato landraces supports a major reevaluation of their gene pool structure and classification. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 104(49): 19398-19403. <https://doi.org/10.1073/pnas.0709796104>.

Tapia M. 2003. ¿Es necesaria la conservación in situ de la agrobiodiversidad? Científicos Peruanos (CICP). Lima / Perú.