

RESUMEN

Autor [Donaire Tataje, G.V.](#)
Autor corporativo [Universidad Nacional Agraria La Molina, Lima \(Peru\). Facultad de Ciencias](#)
Título [Caracterización molecular de 75 accesiones de quinua \(Chenopodium quinoa Willd.\) del departamento de Puno mediante marcadores microsatélites](#)
Impreso Lima : UNALM, 2018

Copias

Ubicación	Código	Estado
Sala Tesis	F30. D655 - T	USO EN SALA
Descripción	113 p. : 21 fig., 13 tablas, 90 ref. Incluye CD ROM	
Tesis	Tesis (Biólogo)	
Bibliografía	Facultad : Ciencias	
Sumario	Sumarios (En, Es)	
Materia	CHENOPODIUM QUINOA VARIETADES INDIGENAS MICROSATELITES MARCADORES GENETICOS BIODIVERSIDAD DIFERENCIAS BIOLÓGICAS GERMOPLASMA VALLES ZONAS DE MONTAÑA EXPERIMENTACION PERU QUINUA CARACTERIZACION MOLECULAR MARCADORES MICROSATELITALES PUNO (DPTO)	
Nº estándar	PE2018000704 B / M EUVZ F30	

El objetivo principal fue determinar la diversidad y la diferenciación genética poblacional del germoplasma de quinua peruana, perteneciente a la Colección Nacional del Instituto Nacional de Innovación Agraria (INIA). Para ello, se caracterizó de forma inicial 25 loci microsatélites en 75 accesiones de quinua del departamento de Puno que corresponden al ecotipo altiplano. Una vez culminado este paso se comparó la diversidad genética del altiplano con 75 accesiones provenientes de los valles interandinos (departamentos de Huancavelica, Ancash, Cusco, Ayacucho) mediante la caracterización de 22 loci microsatélites. Una vez caracterizada cada accesión se determinó la riqueza alélica, la heterocigosidad (como medida de diversidad), el porcentaje de loci polimórficos (%P) y el número de alelos privados. Acorde con uno de los objetivos principales del estudio para lograr estimar el valor de la diferenciación genética poblacional entre los ecotipos de los valles interandinos y del altiplano se calculó las distancias genéticas entre los ecotipos expuestos y para ello se usó el estadístico FST de Wright. Asimismo, fue de gran ayuda el uso de los métodos de análisis multivariados tales como, los algoritmos de análisis de componentes principales (PCA) y el análisis discriminante de componentes principales (DPCA) para representar la distribución esta diversidad presente en las accesiones. El análisis adicional basado en el modelamiento Bayesiano también evaluó el grado de diferenciación entre estos ecotipos, revelando que ambos ecotipos comparten un acervo en común, pero presentan una diferenciación significativa estimada por el porcentaje (%) de alelos privados y

por el grado de pertenencia de cada accesión a un agrupamiento o ecotipo. En este trabajo se ha demostrado que 25 marcadores microsatélites resultan ser altamente polimórficos en la población de 75 accesiones de quinua del departamento de Puno con un número total de alelos encontrados $n=296$. Este número de alelos varía según el loci marcador en un rango de 2 (QCA14) a 40 (QGAA001). El promedio de alelos fue de $n=11.8$ alelos por marcador en las accesiones del departamento de Puno, mientras que el promedio de alelos en las accesiones de valles interandinos fue $n=12$. Se determinó que existe una diferenciación y agrupamiento en dos cluster correspondiente a los ecotipos de los valles interandinos y del altiplano. Sin embargo, dentro del altiplano (Puno) no se evidenció un agrupamiento genético basado en las distancias geográficas, o debido a la cercanía de las provincias estudiadas. Se demuestra que la mayor diferenciación de la quinua peruana presente en la Colección Nacional del INIA puede estar influenciada en gran medida por el ambiente y la variabilidad y distribución de las poblaciones modificada por las condiciones agroecológicas presentes en las regiones. Finalmente, gracias a la caracterización con 22 marcadores moleculares microsatélites se determina un grado de diferenciación poblacional moderada igual a $F_{ST} 0.066$ para los ecotipos del altiplano y de los valles interandinos.

Abstract

The aim was to determine the diversity and population genetic differentiation germplasm Peruvian quinoa belongs to the National Collection at National Institute Agrarian Innovation (INIA). Thus initially, 75 accessions of quinoa Puno department (highlands ecotype) were characterized with 25 loci microsatellite. Once this step is completed, the diversity found in highlands (Puno) was compared with 75 other accessions from interandean valley (departments of Huancavelica, Ancash, Cusco, Ayacucho) through the characterization 22 loci microsatellite. Then, once each accession was characterized, the allelic richness, the heterozygosity (as a measure of diversity), the percentage of polymorphic loci (% P) and the number of private alleles were determined. In agreement with one of the main objectives of the study to estimate the population genetic differentiation value between the interandean valley and highland ecotypes, the genetic distances between ecotypes was calculated by using Wright F_{ST} statistic. Also, was very helpful the use of multivariate analysis methods which included algorithms principal component analysis (PCA) and discriminant analysis principal component (DPCA) to represent distribution of genetic diversity and differentiation present in accessions. The additional analysis based on Bayesian modeling also evaluated the degree of differentiation between these ecotypes, revealing that both ecotypes shared an estimate in the percentage, but presented a significant differentiation for the percentage of membership of each access to a grouping or ecotype. In this work it has been demonstrated that 25 microsatellite markers are highly polymorphic in the population of 75 quinoa accessions from Puno department of with a total number of alleles found $n = 296$. This number of alleles varies according to the marker loci in a range of 2 (QCA14) to 40 (QGAA001). The average of alleles was $n = 11.8$ alleles per marker in the

accessions of department Puno, while the average of alleles in the accessions of inter-Andean valleys was $n = 12$. It was determined that there is a differentiation and grouping in two clusters corresponding to the ecotypes of the interandean and highland valleys. However, within the altiplano (Puno) there was no evidence of a genetic grouping based on geographical distances, or due to the proximity of the provinces studied. It is shown that the greater differentiation of Peruvian quinoa present in the National Collection of INIA can be influenced to a large extent by the environment and the variability and distribution of the populations modified by the agroecological conditions present in the regions. Finally, the characterization with 22 microsatellite molecular markers determined a degree of moderate population differentiation equal to $F_{ST} 0.066$ for the ecotypes of the altiplano and the interandean valleys.