



ESTADO PLURINACIONAL DE BOLIVIA

MINISTERIO DE DESARROLLO RURAL Y TIERRAS

# VIII CONGRESO MUNDIAL DE LA QUINUA

Bolivia

## LIBRO DE RESÚMENES

Del 28 al 31 de marzo  
Potosí, Bolivia



ESTADO PLURINACIONAL DE BOLIVIA

MINISTERIO DE CULTURAS DESCOLONIZACIÓN Y DESPATRIARCALIZACIÓN

MINISTERIO DE SALUD Y DEPORTES



INIAF



PROCAMQUI



musef



POTOSÍ

## Variabilidad genética de *peronospora variabilis* gäum. del sur del Perú

Michael B. Manotupa Tupa, Rigoberto Estrada Zuniga y Víctor A. Gonza Cusipuma

Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional de San Antonio Abad del Cusco. Programa Nacional de Cereales, Granos Andinos y Leguminosas, Estación Experimental Agraria Andenes Cusco, Instituto Nacional de Innovación Agraria - Perú. [mbmanotupa@gmail.com](mailto:mbmanotupa@gmail.com)

La quinua (*Chenopodium quinoa* Willd.) es un alimento excepcional que proporciona todos los aminoácidos esenciales, y se encuentra próximo a los estándares de la nutrición humana establecidos por la FAO (PROINPA, 2011) se puede encontrar quinuas de costa, valles interandinos, puna y altiplano (Estrada, 2013). Sin embargo, este cultivo se ve constantemente amenazado por factores bióticos como el mildiu ocasionado por *Peronospora variabilis* y es considerado como el patógeno más devastador en cultivares susceptibles (Danielsen & Ames, 2001), es un Oomiceto que pertenece al reino Chromista. Para mitigar los efectos negativos en la producción de quinua es de importancia conocer la diversidad y la dinámica poblacional del patógeno (Choi et al., 2010). Existen varias razones para presumir que existe una gran diversidad genética del patógeno, entre estas podemos mencionar que el hospedero tiene un alto nivel de diversidad, el patógeno se encuentra en zonas geográficas muy diversas y posee un ciclo sexual donde hay recombinación genética (Danielsen & Ames, 2001), por consiguiente, se planteó el objetivo de determinar la variabilidad genética de *Peronospora variabilis* en el sur del Perú. El material biológico empleado fue recolectado en campo de agricultores de cinco regiones del sur del Perú. El inóculo fue multiplicado utilizando hojas sueltas de quinua de la variedad Quillahuaman INIA en placas Petri con agar agua al 0.7% (p/v). Los esporangios producidos fueron cosechados utilizando agua destilada estéril a presión por un aspersor manual. Estos esporangios fueron utilizados para la extracción de ADN mediante el método del CTAB. Para determinar la diversidad genética, una región parcial de la subunidad 1 de la NADH Deshidrogenasa del genoma mitocondrial fue amplificada por PCR con los iniciadores NADH F1 (5' CTGTGGCTTATTTTACTTTAG 3') Y NADH R1 (5' CAGCAGTATACAAAACCAAC 3') diseñado por Kroon et al. (2004). Posteriormente los productos amplificados fueron purificados y secuenciados por la tecnología Sanger de la compañía Macrogen (Seúl, Corea del Sur). Las secuencias fueron editadas y ensambladas mediante el software MEGA11 (Tamura et al., 2021). Se identificaron 3 posiciones polimórficas del tipo transición a diferencia de Göker et al. (2007) que identificó 5 posiciones de las cuales 4 son del tipo transversión y una transición en la misma especie. Se determinó 6 haplotipos, de los cuales el haplotipo H2 está presente en las cinco regiones en estudio a diferencia del haplotipo H3 que es exclusivo de la región Ayacucho y el haplotipo H5 y H6 son exclusivos de la región Apurímac. De manera similar Santos et al. (2020) identificó 6 haplotipos en *Plasmopara viticola* analizando el gen que codifica para la

enzima Citocromo b. Del análisis molecular se determina que el 73% de la variabilidad genética está explicada por la variación dentro de cada región y el 27% de la variabilidad genética, lo explica la variación entre poblaciones. Estos valores son significativos basados en los valores del estimador  $\Phi_{PT} = 0.266$  que es mayor a cero, lo que indica que si existe diferencia genética y proviene del interior de las poblaciones.

**Palabras clave:** Diversidad, oomiceto, recombinación genética, polimorfismo, haplotipo, transversión, transición.