



**Ciencia Latina**  
Internacional

Ciencia Latina Revista Científica Multidisciplinar, Ciudad de México, México.  
ISSN 2707-2207 / ISSN 2707-2215 (en línea), mayo-junio 2024,  
Volumen 8, Número 3.

[https://doi.org/10.37811/cl\\_rcm.v8i3](https://doi.org/10.37811/cl_rcm.v8i3)

**RECURSO FITOGENÉTICO DE  
PAPA NATIVA CULTIVADA (SOLANUM SP)  
QUE PRESERVAN LAS COMUNIDADES  
DE HUANCVELICA – PERÚ**

**PHYTOGENETIC RESOURCE OF CULTIVATED NATIVE  
POTATO (SOLANUM SP.) THAT PRESERVES THE  
COMMUNITIES OF HUANCVELICA – PERÚ**

**Jorge Manuel Montalvo Otivo**

Universidad Nacional de Huancavelica, Perú

**Joseph Ricaldi Sarapura**

Universidad Nacional de Huancavelica, Perú

**Arcadio Sánchez Onofre**

Universidad Nacional de Huancavelica, Perú

**Virgilio Valderrama Pacho**

Universidad Nacional de Huancavelica, Perú

DOI: [https://doi.org/10.37811/cl\\_rem.v8i3.11985](https://doi.org/10.37811/cl_rem.v8i3.11985)

## Recurso Fitogenético de Papa Nativa Cultivada (*Solanum Sp*) que Preservan las Comunidades de Huancavelica – Perú

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

[jorge.montalvo@unh.edu.pe](mailto:jorge.montalvo@unh.edu.pe)

<https://orcid.org/0000-0002-5028-9696>

Universidad Nacional de Huancavelica, UNH  
Perú

**Joseph Ricaldi Sarapura**

[joseph\\_ric@hotmail.com](mailto:joseph_ric@hotmail.com)

<https://orcid.org/0000-0003-4652-5454>

Universidad Nacional de Huancavelica, UNH  
Perú

**Arcadio Sánchez Onofre**

[arcadio.sanchez@unh.edu.pe](mailto:arcadio.sanchez@unh.edu.pe)

<https://orcid.org/0000-0002-2437-5080>

Universidad Nacional de Huancavelica, UNH  
Perú

**Virgilio Valderrama Pacho**

[virgilio.valderrama@unh.edu.pe](mailto:virgilio.valderrama@unh.edu.pe)

<https://orcid.org/0000-0002-8948-0383>

Universidad Nacional de Huancavelica, UNH  
Perú

### RESUMEN

El recurso fitogenético de papa nativa en el entorno agroecológico andino, es dependiente a la selección natural y artificial; conserva genes de resistencia, calidad y adaptación para la seguridad alimentaria. Se colectó y sembró 403 cultivares de papa nativa (*Solana sp.*) en los terrenos de las comunidades de la Región Huancavelica - Perú. Se caracterizó morfológicamente con el descriptor propuesto por Gómez; la caracterización molecular empleó 12 microsatélites “SSR”, del kit de identificación genética de la papa, los fragmentos microsatélites fueron identificados con el equipo LI-COR - Saga<sup>GT</sup>. Por un lado, los descriptores morfológicos, no identificó ningún duplicado a un coeficiente de distancia de 0, todos correspondieron a distintos morfotipos; sin embargo, a un coeficiente de distancia de 0.5 se observaron 370 grupos, lo que demostró alta variabilidad morfológica. Por otro lado, la caracterización molecular permitió registrar 110 alelos y 198 haplotipos a un coeficiente de similitud de 1, que representó 49.1% de duplicados. El AMOVA mostró que la fuente principal de variación 99.4%, estuvo en la colección de cada agricultor. En conclusión, los recursos fitogenéticos de papa nativa en estas comunidades de la Región Huancavelica - Perú, es alta; información que debe ser usada en programas de mejoramiento genético como estratégica de seguridad alimentaria en el Perú.

**Palabras claves:** papa, solanum, diversidad, morfotipos, genotipos, microsatélites

---

<sup>1</sup> Autor principal

Correspondencia: [jorge.montalvo@unh.edu.pe](mailto:jorge.montalvo@unh.edu.pe)

# Phylogenetic Resource of Cultivated Native Potato (*Solanum Sp*) that Preserves the Communities of Huancavelica – Perú

## ABSTRACT

The phylogenetic resource of native potatoes in the Andean agroecological environment is dependent on natural and artificial selection; conserves genes of resistance, quality and adaptation for food security. 403 native potato cultivars (*Solanum sp.*) were collected and planted on the land of the communities of the Huancavelica Region - Peru. It was characterized morphologically with the descriptor proposed by Gómez; The molecular characterization used 12 “SSR” microsatellites, from the potato genetic identification kit, the microsatellite fragments were identified with the LI-COR - SagaGT equipment. On the one hand, the morphological descriptors did not identify any duplicates at a distance coefficient of 0, they all corresponded to different morphotypes; However, at a distance coefficient of 0.5, 370 groups were observed, which demonstrated high morphological variability. On the other hand, molecular characterization allowed 110 alleles and 198 haplotypes to be registered at a similarity coefficient of 1, which represented 49.1% of duplicates. The AMOVA showed that the main source of variation, 99.4%, was in each farmer's collection. In conclusion, the plant genetic resources of native potatoes in these communities of the Huancavelica Region - Peru, is high; information that should be used in genetic improvement programs as a strategy for food security in Peru.

**Keywords:** potato, solanum, diversity, morphotypes, genotypes, microsatellites

*Artículo recibido 23 mayo 2024*

*Aceptado para publicación: 26 junio 2024*



## INTRODUCCIÓN

Los recursos fitogenéticos de papa nativa cultivada se someten a la selección natural en los entornos agroecológicos andinos y la selección artificial influido por la diversidad cultural; el 70% de la producción nacional es dependiente del régimen de lluvia temporal; las comunidades con altitudes de los 2 800 hasta los 4 500 msnm; están bajo amenaza constante de estrés abióticos muy nocivos causados por el cambio climático (Tapia, 2003). La Región Huancavelica en Perú es portadora de una riqueza incalculable de papas nativas y constituye la base genética que sustentan la seguridad alimentaria de la humanidad (CIP & FEDECH, 2006; De Haan, 2009; INEI, 2011). Si bien la papa nativa cultivada, es considerada como uno de los alimentos más importantes a nivel nacional y mundial, para promover su uso es necesario primero identificarlos y caracterizarlos, ya que lo que no se conoce no se puede utilizar (Sevilla & Holle, 2004). Ciertas variedades mejoradas liberadas en los últimos 70 años tuvieron una vida muy efímera. Se han lanzado más de 70 nuevas variedades, de las cuales 5 o 6 han sido exitosas; de esta larga lista, hay muchas variedades que, 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, susceptibilidad marcada a una enfermedad, plaga, sequía, helada, calidad, producción, etc. (Mendoza, 2011).

La única forma de obtener genes cuantitativos y cualitativos de producción, resistencia y calidad, es del lugar donde existe mayor diversidad genética y el mejor ecosistema para la preservación de los recursos genéticos es el sistema autóctono agrícola (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).

La presente investigación es parte de la evaluación de la biodiversidad de la Región Huancavelica; y específicamente la evaluación de la agrobiodiversidad que preservan los agroecosistemas de estas zonas



altoandinas y usarlos en programas de conservación, mejoramiento y seguridad alimentaria (Tapia, 2003).

El propósito fue estudiar el recurso fitogenético de papas nativas cultivadas (*Solanum* sp.) a nivel morfológico y molecular, que preservan los agroecosistemas de cuatro comunidades de la Región Huancavelica en Perú.

## **METODOLOGÍA**

El trabajo de investigación se realizó en 4 comunidades de la Región Huancavelica, Perú: Castillapata, Pachaclla, Pumarana y Huachua (Tabla 1, figura 2), entre los meses de mayo y junio del 2014 – 2020.; siguiendo un enfoque cualitativo

### **Tipo de investigación**

Explicativo, no experimental; no se intenta intervenir ni alterar el curso de un hecho, limitándonos a observar el curso del hecho con las características a estudiar.

### **Población**

Papa nativa cultivada en las comunidades campesinas de Pumarana, Huachua, Castillapata y Pachaclla; Región Huancavelica.

### **Muestra**

El tamaño de la muestra se tomó con método probabilístico “N, desconocido”:

Ecuación 1. Número de colectas en una población.

$$n = \frac{z^2 \alpha/2 s^2}{\varepsilon^2}$$

n= muestras o colectas de una población

Z= 1.96 nivel deseado de confianza 95 por ciento,  $\alpha=0.05$

S= 0.512 desviación con respecto a la media (rendimiento)

$\varepsilon$  = 0.05 error entre la media muestral y la media poblacional

Se colectaron 403 muestras, este tamaño fue calculado según la fórmula, para las cuatro comunidades de la Región de Huancavelica. Se usó un sistema de muestreo aleatorio simple: donde se colectó el mayor número de morfotipos de la comunidad.

## **Variables**

Las variables estudiadas fueron: colectas de papas, cultivares únicos, huella genética,

## **Diseño Experimental**

El diseño experimental empleado es el observacional - longitudinal; ya que se tomó datos en todo el proceso de crecimiento y desarrollo de las colectas sembradas.

Se sembró cinco tubérculos por colecta, separados con, tarwi (Haan et al., 2013).

## **Las técnicas de procesamiento de datos fueron:**

### **Análisis de conglomerados con datos morfológicos**

Es una técnica para formar grupos de unidades taxonómicas de ordenación “OTUs”, se asoció por su grado de semejanza. En primer paso se realizó una matriz de similitud; con esta se van juntando núcleos, formados por dos OTUS y grupos formados por varios OTUS. Hay varias formas de incorporar los nuevos OTUS a los grupos que van formando; ellas se denominó de ligamiento simple, completo o promedio, el más usado es de ligamiento promedio aritmético no ponderado (UPGMA); se usó el programa **NTSYS-pc** (sistema de análisis multivariado de taxonomía numérica) versión 2.2, se graficó el grado de semejanza en un “fenograma” entre varios UTOs (Sevilla y Holle, 2004); (Applied Biostatistics Inc. 2008).

### **Análisis de conglomerados de datos moleculares.**

La matriz binaria molecular (Anexo 8) se sintetizó con el software NTSYS-pc “Sistema de Análisis Multivariado de Taxonomía Numérica” versión 2.2, este es un paquete informático de algoritmos para producir análisis fenéticos a partir de datos genéticos (frecuencia de genes), datos cuantitativos y datos cualitativos (presencia y ausencia), se calculó la afinidad entre unidades taxonómicas basadas en el estado de sus caracteres (Spooner, 2003), (Applied Biostatistics Inc., 2008), (Gonzales, 2016). Para la diagramación del dendograma se usó el software DARwin 5 (Perrier y Jacquemoud-Collet, 2006). La metodología de investigación, se llevó a cabo en tres fases: campo, laboratorio y gabinete.

## **Fase de campo**

Se coordinó con las autoridades de cada comunidad para la colecta, almacenaje y siembra; suscribiéndose el acta, juntándose 5 - 8 tubérculos por cultivar e identificándose con su nombre común.

Se sembró en layme (descanso de la tierra 5 a 8 años). El sistema de siembra fue en chiwa (siembra con



la chaquitaklla en hueco), chacmeo (siembra con la chaquitaklla en terrones) y barbecho, entre octubre-noviembre, y la separación entre colectas fue con tarwi. Se caracterizaron las plantas con el descriptor propuesto por el Centro Internacional de la Papa (Gómez, 2000).

### **Fase de laboratorio**

Para la extracción de ADN se pesó 220 mg de muestra foliar en tubos ependor de 2 ml y se mezcló con el tampón CTAB al 2%, mercaptoetanol y una esfera cerámica; procediendo con la homogeneización “Fastprep”. La extracción del ADN genómico se realizó con el método de pequeña escala (CIP, 2004). Terminado el proceso, el ADN fue secado a temperatura ambiente por 2 horas y se resuspendió en 150  $\mu$ l de tampón T10E1. La digestión con ARNasa se realizó una vez que el ADN estuvo completamente resuspendido en T10E1; se agregó 3  $\mu$ l 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  $\mu$ l de ADN con 10  $\mu$ l 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  $\mu$ l del blanco (tampón T10E1) y 2  $\mu$ l de muestra (con repetición); la absorbancia del espectrofotómetro estuvo a 230, 260 y 280 nm, dándonos la concentración de la muestra en ng/ $\mu$ l; 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/ $\mu$ l, volumen de 180  $\mu$ l en placas de PCR de 96 pocillos (CIP. 2004). Se utilizaron 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 siguieron 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.* 2003, 2004, 2006, 2009, Spooner *et*





al. 2007, De Haan *et al.* 2013). Se repartió 5  $\mu$ l de “Master Mix” en una placa para PCR de 96 pocillos y se adicionó 5  $\mu$ l de ADN (concentración de 5 ng/ $\mu$ l). 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  $\mu$ l (CIP, 2004). Terminada la amplificación, se agregó 5  $\mu$ l 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 realizó a través del análisis de fragmentos en el equipo LI-COR, el cual utilizó geles de poliacrilamida al 6% (urea 8M). 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 dendrograma, se calculó la matriz cofenética y su correlación en cada comunidad (test Mantel).

### **Fase de gabinete**

El trabajo de gabinete fue realizado en las instalaciones de la Universidad Nacional de Huancavelica, Oficinas del CIP-Lima y ambientes de la UNALM (Universidad Nacional Agraria La Molina) durante los meses de julio del 2014 a marzo 2020.

Análisis de conglomerados con datos morfológicos (Sevilla & Holle, 2004; Rohlf, 1998); análisis de componentes principales (ACP) (Gonzales, 2016). Análisis de conglomerados de datos moleculares (Rohlf, 1998). Para la diagramación del dendrograma se usó el software DARwin 5 (Perrier & Jacquemoud, 2006). Medida de la diversidad genética intrapoblacional (De vicente & Fulton, 2004). Análisis de varianza molecular “AMOVA” (Excoffier & Lischer, 2015)





## **RESULTADOS Y DISCUSIÓN**

### **Colección de Papas Nativas**

Se colectó y caracterizó morfo - molecularmente 403 cultivares de papa nativa en cuatro comunidades (figura 1; Tabla 1).

### **Evaluación Morfológica de papas nativas cultivadas**

No existió distorsión de datos morfológicos en las comunidades. La correlación, según el análisis cofenética y de similaridad va de 0.74 a 0.99. Los morfotipos se evaluaron a 0.5 DIST (Tabla 2).

El inventario de la diversidad genética relativa, en forma conjunta es de 370 morfotipos, distribuidos de la siguiente manera: 53 en Pumaranra, 171 en Huachua, 119 en Castillapata y 42 en Pachacella.

Esto confirmó que existe alto grado del recurso fitogenético de papa nativa a nivel morfológico, que es mantenida por los custodios en las 04 comunidades (Tabla 2) (De Haan *et al.*, 2013).

Aunque resulta prácticamente imposible inspeccionar todas las variables genéticas presentes en una población, se puede examinar una población a través de la variación del fenotipo individual (De vicente y Fulton, 2004). Sin embargo, debido a que estas características morfológicas son afectadas por el ambiente, se corroboró los resultados con marcadores moleculares SSR (Soto, 2006).

### **Evaluación Genética de papas nativas cultivadas**

La correlación en cada comunidad es alta, según la matriz cofenética y de similaridad, que va de 80.0% a 90.0% (Tabla 3). No existe distorsión de los datos moleculares en las cuatro comunidades.

Los marcadores moleculares presentaron mayor discriminación de clasificación de las papas nativas cultivadas y permitió establecer los haplotipos, huella genética (fingerprint) o perfil genético distintivo de cada cultivar. Se obtuvieron 198 haplotipos, de los cuales Huachua tiene 100, Castillapata 88, Pumaranra 41 y Pachacella 37 (Tabla 3, Figura 2).

El análisis con los marcadores SSR proporcionó medios más rígidos de clasificación, reconoció mayor número de genotipos, en comparación al análisis basado en el descriptor morfológico; esto permite reafirmar que las comunidades de Huancavelica mantienen niveles altos de diversidad genética (Tabla 4) (De Haan, 2009; De Haan *et al.*, 2013).

De Haan (2009) empleó 18 SSR polimórficos para estudiar 989 accesiones en la zona norte, centro y sur de la Región Huancavelica, encontrando 406 cultivares únicos; nuestro estudio halló 198 genotipos



en la zona centro de la Región Huancavelica (Figura 2), la diferencia puede explicarse por el tamaño de la muestra y el distanciamiento entre estas comunidades estudiadas (De Haan, 2009; De Haan *et al.*, 2013).

### **Riqueza Alélica**

Se identificaron 110 alelos en los 12 cromosomas de la papa nativa (Tabla 4). La comunidad de Castillapata presentó mayor riqueza alélica (105), seguida de Huachua (100), Pumaranra (79), Pachaella (85 alelos).

Estudios donde se emplearon SSR similares reportaron 181 alelos encontrados (De Haan, 2009). De Haan *et al.* (2013) utilizaron 18 SSR en 989 colectas de papa; 188 alelos diferentes reportaron Bernardo (2015) con 23 SSR en 688 muestras de papa qurao; Soto (2006) reportó 111 alelos diferentes con 19 SSR en 12 muestras de Huancavelica. Este diferencial podría deberse al tamaño de la muestra y la distancia entre comunidades. El número de alelos por loci hallados en los SSR STM5127, STM1104, STM0037, STM5114 concuerdan con lo reportado por Roca (2015) quien estudió en condiciones de Junín.

De acuerdo a los alelos, detectados por los microsátelites en los cromosomas “I” y “X”, estos fueron más polimórficos, en comparación a los cromosomas “II” y “IX”; en general, los 12 microsátelites empleados presentaron alto polimorfismo.

### **Diversidad Genética de Nei o Heterocigosidad promedio esperada**

La diversidad genética entre comunidades fue de 0.72 a 0.77 con una amplitud de 0.05, expresando pequeñas diferencias entre estas, confirmando la alta diversidad genética que se encuentra en cada comunidad (Tabla 5).

Se comparó la diversidad genética específica entre microsátelites y se encontró que esta diversidad va de 0.62 a 0.88 con una amplitud de 0.26, confirmando el alto polimorfismo alélico que se encuentra en cada cromosoma de la papa nativa cultivada.

### **Análisis de varianza molecular (AMOVA)**

El Análisis de la Varianza Molecular “AMOVA” (Tabla 6) permitió analizar la variación genética entre y dentro de los grupos de papas nativas del distrito de Paucará y las papas nativas del distrito de Yauli.

La mayor variación genética en la Región Huancavelica ocurrió dentro de las comunidades (99.36%); entre distritos y entre comunidades fue mínima (0.35% y 0.29%, respectivamente).

Según los valores de FST: 0.00643, esta variación genética fue muy pequeña.

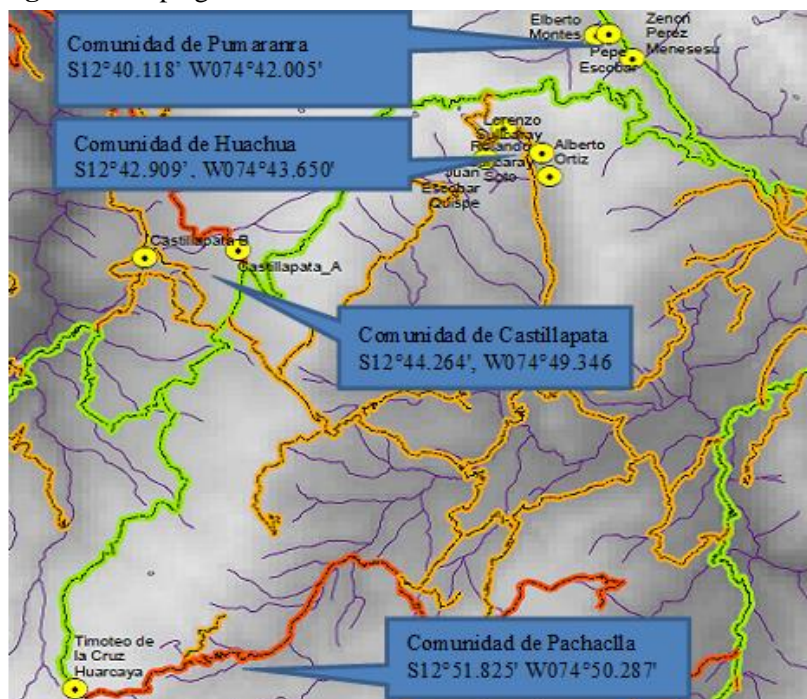
La variabilidad genética de papa nativa cultivada está en los agricultores custodios, mas no entre comunidades ni distritos. Los resultados obtenidos respaldan los hallazgos de De Haan (2006, 2009) y De Haan *et al.* (2013), considerando que, en el departamento de Huancavelica, existe mayor variación dentro de las sub poblaciones (98.94%), mientras que la variación entre las poblaciones y entre subpoblaciones fue de 0.19% y 0.87%, respectivamente (Excoffier & Lischer, 2015; De vicente & Fulton, 2004).

### Tablas, Figuras

**Tabla 1.** Ubicación georeferenciada de parcelas de papa nativa- departamento de Huancavelica.

Comunidades de la Región Huancavelica					
Prov.	Dist.	Comunidad	Altitud	Latitud	Longitud
Huancavelica	Yauli		4 136	12°44.209 S	74°47'31 O
		Castillapata	3 891	12°44.333 S	74°49.278 O
		Pachacla	4 341	12°51.825 S	74°50.287' O
Acobamba	Paucaará		3 938	12°40.872 S	74°42.219 O
		Pumaranra	4 027	12°40.490 S	74°42.742 O
			4 003	12°40.459 S	74°42.558 O
			3 944	12°42.915 S	74°43.419 O
		Huacchua	4 066	12°42.519 S	74°43.525 O
			4 200	12°42.109 S	74.44.086 O
			4 164	12°42.623 S	74°44.337 O

**Figura 1.** Mapa georeferencial de las comunidades estudiadas de la Región Huancavelica / Perú.



Fuente: elaboración propia.

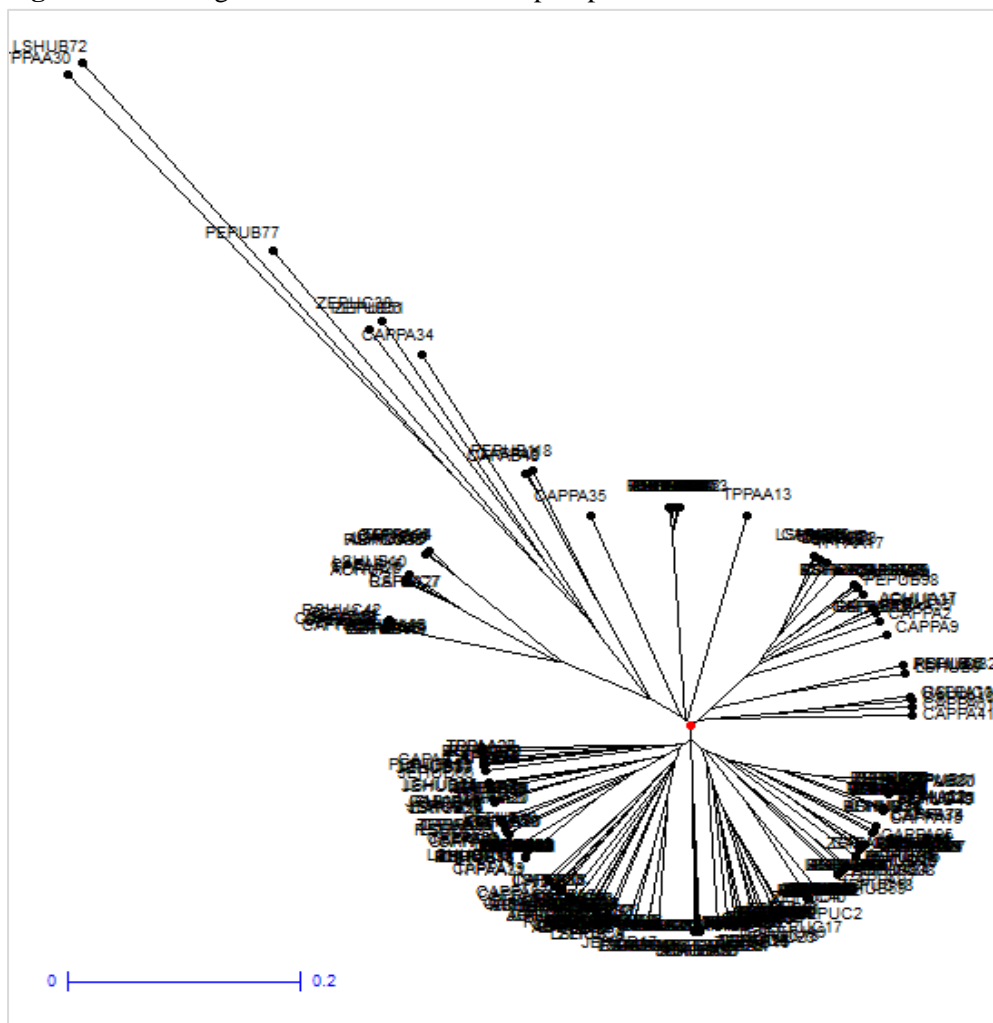
**Tabla 2.** Correlación, t-test Mantel y diversidad morfológica.

Comunidad	Correlación r =	Mantel t-test: t =	Colectas estudiadas	Morfotipos únicos	Morfotipos a 0.5 DIST	Morfotipos totales
Pumararra	0.79	13.79	54	52	1	53
Huachua	0.94	15.36	174	168	3	171
Castillapata	0.74	20.22	124	114	5	119
Pachaclla	0.99	6.81	43	41	1	42
Global	0.74	48.56	395	347	23	370

**Tabla 3.** Análisis del Correlación, t-test Mantel y diversidad molecular.

Comunidad	Matrix correlación r =	Mantel t-test: t =	Colectas	Genotipos únicos	Genotipos al 0.98 SM	Genotipos duplicados al 1.0 SM	Genotipos totales (Fingerprints)
Pumararra	0.9*	12.3**	54	22	9	10	41
Huachua	0.8*	29.7**	174	52	18	30	100
Castillapata	0.9*	26.7**	124	42	27	19	88
Pachaclla	0.9*	9.5**	43	27	4	6	37
Total	0.8*	34.1	395	100	40	58	198

**Figura 2.** Dendrograma molecular de 198 haplotipos.



**Tabla 4.** Riqueza alélica en las comunidades de la Región Huancavelica.

Comunidad	Cromosoma y Microsatélite SSR												Riqueza alélica	%
	I	II	III	IV	V	VI	VII	VIII	IX	X	XI	XII		
	STM5127	STM5114	STG0010	STI0012	STI0032	STI0004	STI0033	STM1104	STM1052	STM1106	STM0037	STI0030		
Pumaranra	9	3	5	8	4	6	8	8	5	8	8	7	79	71.8
Huachua	11	6	8	10	8	9	8	9	5	10	6	10	100	90.9
Castillapata	12	6	7	11	8	10	8	9	6	12	7	9	105	95.5
Pachaclla	11	5	6	8	6	6	8	8	5	9	6	7	85	77.3
Riqueza alélica / SSR	12	6	8	11	8	10	8	9	6	13	9	10	110	100

**Tabla 5.** Diversidad genética en 4 comunidades.

Índice de Nei/SSR	Ubicación	Pumararra	Huachua	Castillapata	Pachaella	control (TXA)	Índice de Nei promedio
STM5127	I	0.78	0.82	0.84	0.85	0.67	0.83
STM5114	II	0.63	0.68	0.69	0.69	0.50	0.68
STG0010	III	0.54	0.61	0.65	0.64	0.50	0.62
STI0012	IV	0.73	0.77	0.77	0.75	0.67	0.76
STI0032	V	0.67	0.68	0.71	0.69	0.50	0.69
STI0004	VI	0.58	0.70	0.72	0.62	0.67	0.69
STI0033	VII	0.88	0.88	0.88	0.88	0.88	0.88
STM1104	VIII	0.81	0.83	0.82	0.82	0.50	0.82
STM1052	IX	0.71	0.74	0.76	0.76	0.00	0.75
STM1106	X	0.83	0.83	0.84	0.84	0.76	0.84
STM0037	XI	0.70	0.71	0.71	0.71	0.50	0.71
STI0030	XII	0.80	0.78	0.81	0.80	0.67	0.80
Nei/Comunidad		0.72	0.75	0.77	0.75	0.57	0.76
Desviación		0.10	0.08	0.07	0.08	0.22	0.08

**Tabla 6.** Análisis de varianza molecular de provincias y zonas.

F.V.	GL	SC	Componentes de varianza	% de variación
Entre distritos		22.97	0.0402 Va	0.35
Entre comunidades dentro de la población		27.303	0.03269 Vb	0.29
Dentro de las comunidades	4	403.043	11.26098 Vc	99.36
Total	4	453.316	11.33387	
Índices fijación			Vc y FST: P-valor = 0.00293 ± 0.00164	
FSC: 0.00289			Vb y FSC: P-valor = 0.15347 ± 0.01391	
FST: 0.00643			Va y FCT: P-valor = 0.34018 ± 0.01410	
FCT: 0.00355				

## CONCLUSIONES

Los recursos fitogenéticos de papa nativa en estas comunidades de la Región Huancavelica - Perú, es alta; información que debe ser usada en programas de mejoramiento genético como estratégica de seguridad alimentaria en el Perú.

Molecularmente se encontraron 198 genotipos “fingerprints” a un coeficiente de similitud de “1”, que representa 49.1% de duplicados, confirmándonos que la Región Huancavelica es uno de los centros de mayor conservación de la diversidad genética de papa nativa.

Morfológicamente en el transecto centro, de la Región de Huancavelica, se encontraron 370 morfotipos a un coeficiente de distancia de 0.5 DIST, confirmándonos que los custodios no sobrestiman la diversidad de papa nativa cultivada y la Región Huancavelica es uno de los centros de mayor conservación de esta diversidad.

Los 12 marcadores microsatélites originaron una clasificación más rígida y permitieron identificar 110 alelos. El AMOVA muestra que la fuente principal de variación estuvo en la colección de cada agricultor con 99.4%. El diferencial genético se presentó en los alelos raros, escasos y en menor medida en los moderados.

## REFERENCIAS BIBLIOGRAFICAS

- 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>.
- Albán Pinzón , J. V. (2024). Actualizaciones en El Manejo de la Hiperuricemia en el Primer Nivel De Atención. *Revista Científica De Salud Y Desarrollo Humano*, 5(2), 130–153. <https://doi.org/10.61368/r.s.d.h.v5i2.125>
- 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.*
- Da Silva Santos , F., & López Vargas , R. (2020). Efecto del Estrés en la Función Inmune en Pacientes con Enfermedades Autoinmunes: una Revisión de Estudios Latinoamericanos. *Revista Científica De Salud Y Desarrollo Humano*, 1(1), 46–59. <https://doi.org/10.61368/r.s.d.h.v1i1.9>
- Excoffier L. & Lischer H.E.L. 2010. Arlequin suite ver 3.5: A new series of programs to perform 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 o.f 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).
- Mendoza H.A. 2011. Selección de variedades de papa. Primera edición. Alcántar H. (ed.). Lima – Perú.
- Martínez, O., Aranda , R., Barreto , E., Fanego , J., Fernández , A., López , J., Medina , J., Meza , M., Muñoz , D., & Urbieta , J. (2024). Los tipos de discriminación laboral en las ciudades de Capiatá y San Lorenzo. *Arandu UTIC*, 11(1), 77–95. Recuperado a partir de  
<https://www.uticvirtual.edu.py/revista.ojs/index.php/revistas/article/view/179>
- Quisaguano Caiza, Y. E., & Aguilar Barriga , P. R. (2024). Diseño de un Proyecto de Innovación Educativa en Biología Celular: Recursos Educativos Abiertos y Aprendizaje Basado en Juegos. *Estudios Y Perspectivas Revista Científica Y Académica* , 4(1), 2669–2684.  
<https://doi.org/10.61384/r.c.a.v4i1.219>
- Quisaguano Caiza, Y. E., & Aguilar Barriga , P. R. (2024). Diseño de un Proyecto de Innovación Educativa en Biología Celular: Recursos Educativos Abiertos y Aprendizaje Basado en Juegos. *Estudios Y Perspectivas Revista Científica Y Académica* , 4(1), 2669–2684.  
<https://doi.org/10.61384/r.c.a.v4i1.220>
- Perrier X. & Jacquemoud-Collet J.P. 2006. DARwin 5. <http://darwin.cirad.fr/darwin>.
- 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.
- v, H., & Quispe Coca, R. A. (2024). Tecno Bio Gas. *Horizonte Académico*, 4(4), 17–23. Recuperado a partir de <https://horizonteacademico.org/index.php/horizonte/article/view/14>

