



UNAP

Vicerrectorado de Investigación
Centro Investigaciones Recursos Naturales Amazónico
Unidad Especializada de Biotecnología
CIRNA-UEB

DESARROLLO DE CTI EN FRUTALES NATIVOS AMAZONICOS PATRIMONIO AMBIENTAL Y ALIMENTARIO

Diversidad Genética de *Mauritia flexuosa* L.f. “aguaje”

Jorge Luis Marapara del Aguila

**Octubre 2018
Pucallpa-Perú**

Contenido

Introducción

Diversidad genética

Marcadores moleculares

Metodología

Resultados y discusión

Conclusiones

Introducción

Amazonia Peruana

- **Biodiversidad de recursos fitogenéticos de gran importancia.**

Amenaza



Deforestación



Mal uso de la tierra



Agricultura migratoria



Ganadería extensiva



Extracción



Desertificación



Erosión genética

Introducción

Las palmeras, AMENAZA

- Pobladores Amazónicos

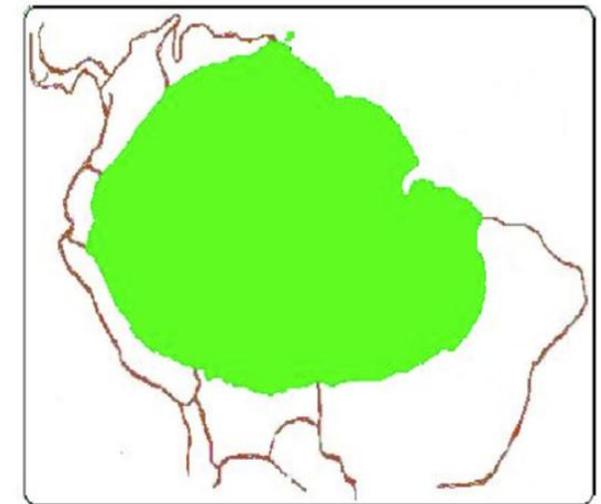
- Sobreexplotación
- Originando erosión genética
 - Situación de vulnerabilidad,
 - Extinción total.



Euterpe precatoria



Mauritia flexuosa



Distribución de *Mauritia flexuosa* Lf *



Astrocaryum chambira

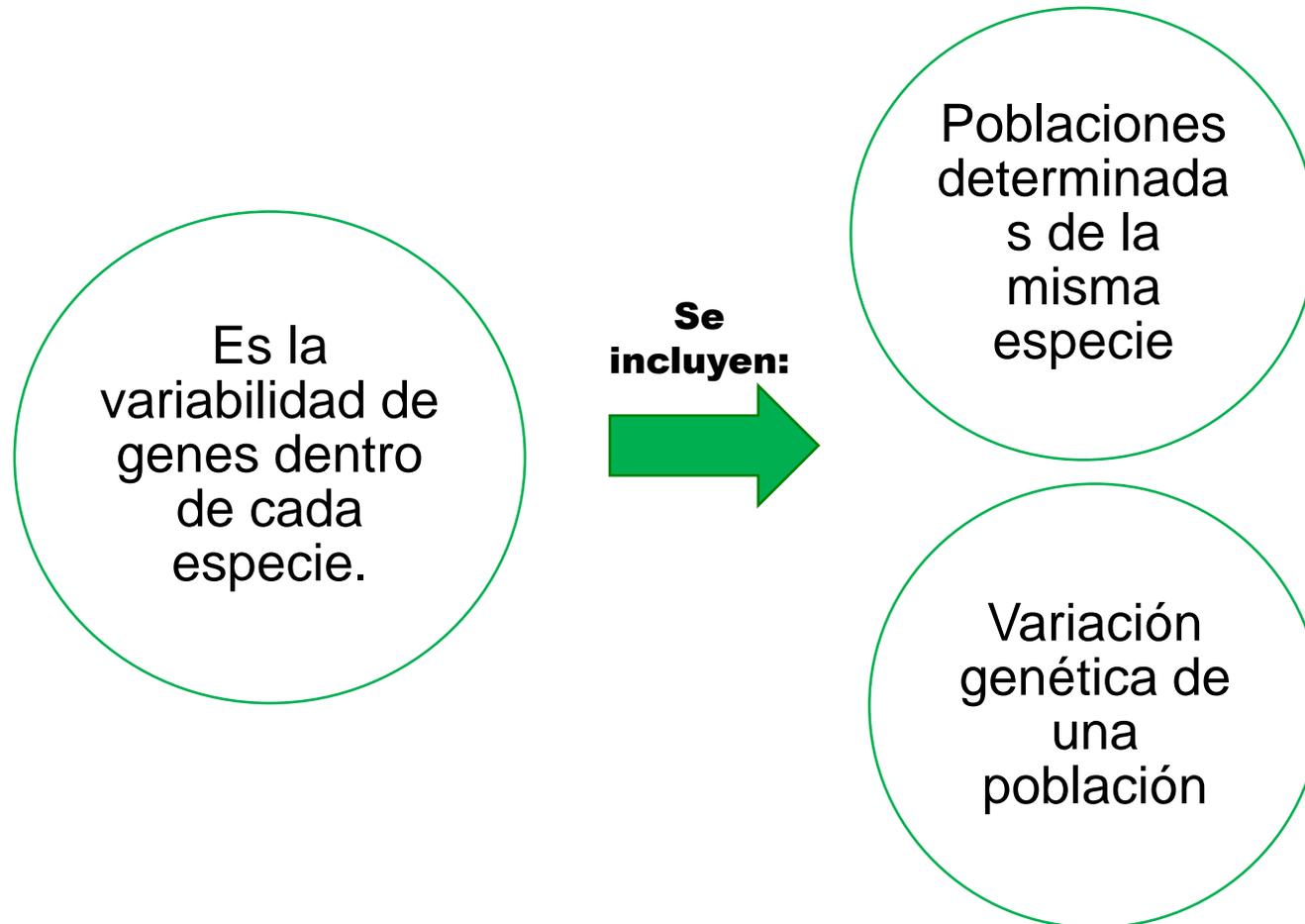


Bactris gasipaes



Astrocaryum murumuru

Diversidad Génética



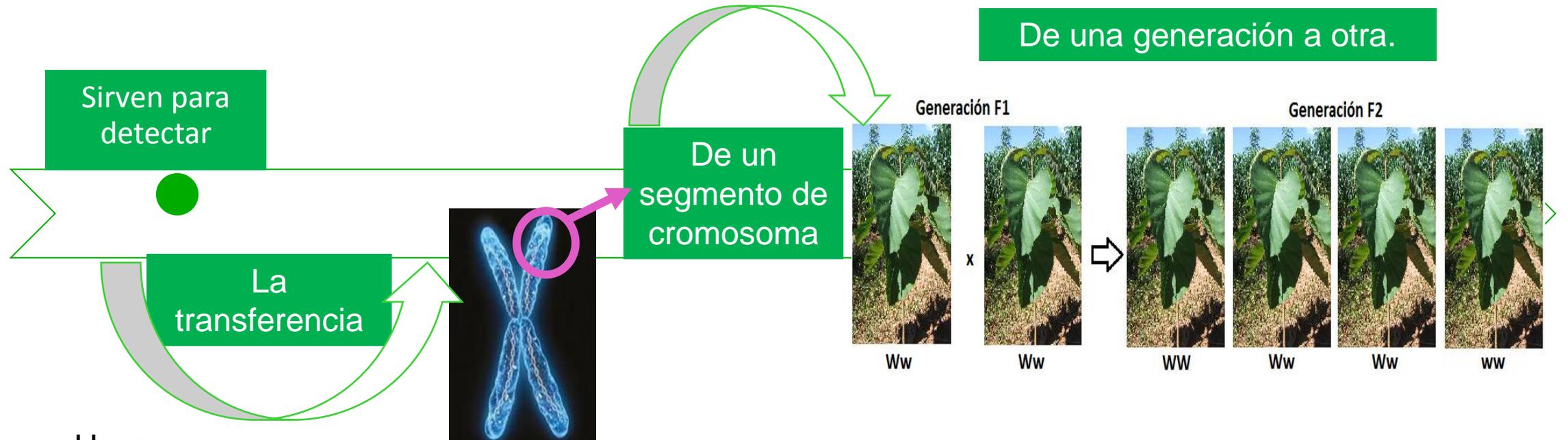
Importante en la conservación y mejora de las especies



Identificar y distinguir genotipos



Marcadores Moleculares



Usos:

- Evolución
- Biomedicina
- **Estudios de diversidad**
- Ciencias forenses
- Ecología
- Localizar y aislar genes de interés.

Ventajas:

- Se enfocan directamente con la variación genética.
- Los caracteres se pueden seleccionar y definir de una manera relativamente objetiva.



Marcadores Moleculares

Existen

Microsatélites o SSR (secuencias simples repetidas):

- 2 a 6 pares de bases repetidas en tándem
- Elevado grado de polimorfismo en función del número de repeticiones.

AFLP (polimorfismo de fragmentos obtenidos por amplificación)

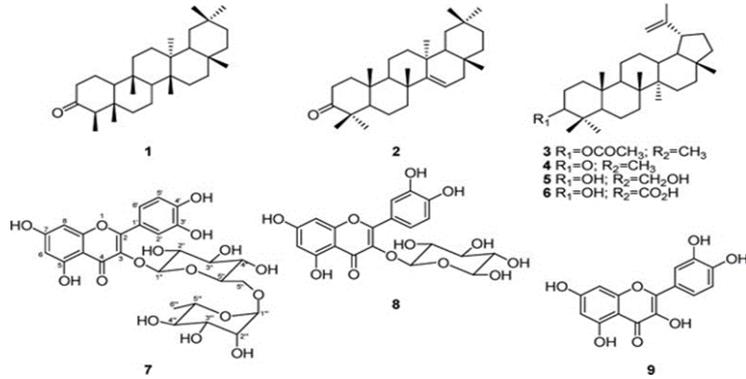
- Amplificación de fragmentos genómicos digeridos con enzimas de restricción,
- Primer o cebadores de diseño aleatorio, de manera que se reconocen secuencias anónimas dispersas a lo largo de todo el genoma.
- Detectan dominancia.

RAPD (amplificación aleatoria de sitios polimórficos)

- marcadores heredables para estimar la estructura y diversidad genética



Mauritia flexuosa L.f. “aguaje”



Metabolitos secundarios de interés en la industria farmacológica



Alimentos con alto contenido de vitamina A



Mauritia flexuosa L.f. “aguaje” es una especie vegetal amazónica que forma extensas poblaciones denominadas “aguajales” y tiene múltiples usos



Hojas y estípites sirven para la construcción de viviendas, artesanías,



Uso Industrial



Mauritia flexuosa L.f. “aguaje”

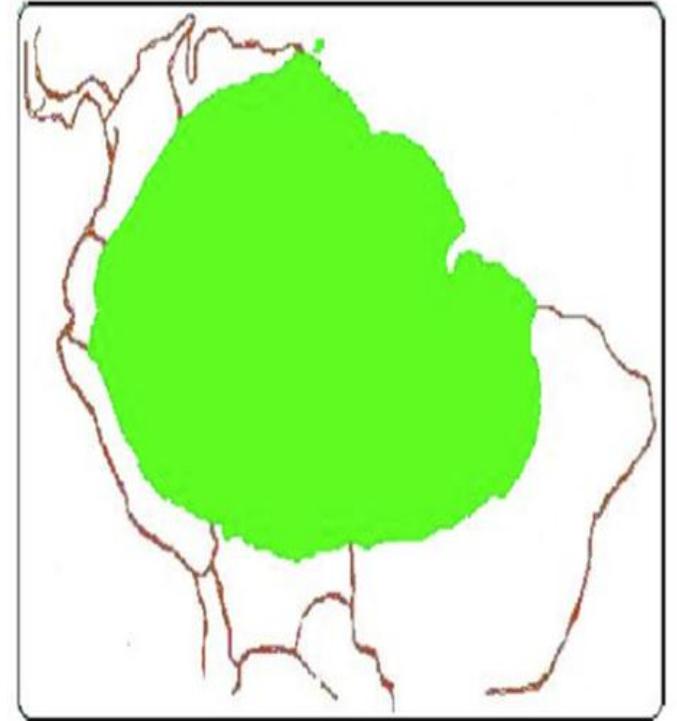


Restringido a la zona tropical del continente suramericano y aparentemente su centro de especiación fue la cuenca amazónica colonizando las regiones bajas y mal drenadas (Muller 1970, González 1987).

Crece con el sistema radicular sumergido en los pantanos



Neumatóforos (Del Castillos *et al.*, 2006), de ahí, que el mayor centro de diversidad para la especie y el género se encuentre en el límite occidental húmedo de la hoya amazónica (Lleras *et al.*, 1993)



Distribución de *Mauritia flexuosa* Lf *

* Henderson A., G. Galeano & R. Bernal. 1995. Field guide to the palms of the Americas. Princeton University Press.

**Diversidad Genética de *Mauritia flexuosa* L.f. “aguaje” en la carretera,
Iquitos, Nauta**



Área de Estudio

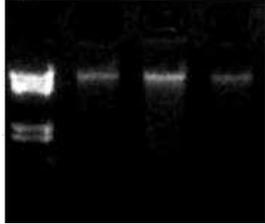
- El reporte satelital de LANDSAT-TM7(S/63)
- Franja la carretera Iquitos-Nauta y el río Itaya (Km 2,5 al Km 56)

ZONA	LUGAR	COORDENADAS UTM
1	Km 2.5 carr. Iquitos-Nauta	AG7 681630 y 9567462 UTM
2	Km 6 carr. Iquitos-Nauta	AG7 686486 y 9576286 UTM
3	Km 17.5 carr. Iquitos-Nauta	AG7 669099 y 9580248 UTM
4	Caserío Huáscar- río Itaya	AG7 661094 y 9529250 UTM
5	Caserío Cahuide-río Itaya	A67b 668507 y 9532243 UTM
6	Caserío Miraflores-río Itaya	AG7 670553 y 9533097 UTM

En cada zona se delimitó 1 Ha e inventarió Muestra: 10 ejemplares por zona



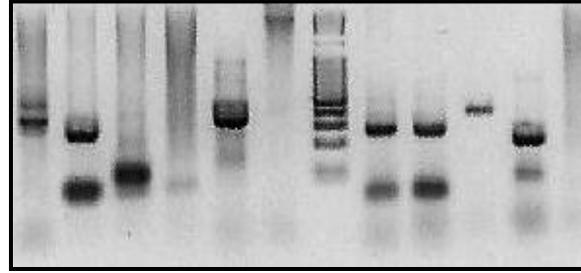
Amplificación del ADN mediante el RAPD



ADN genómico purificado



Amplificación mediante RAPD



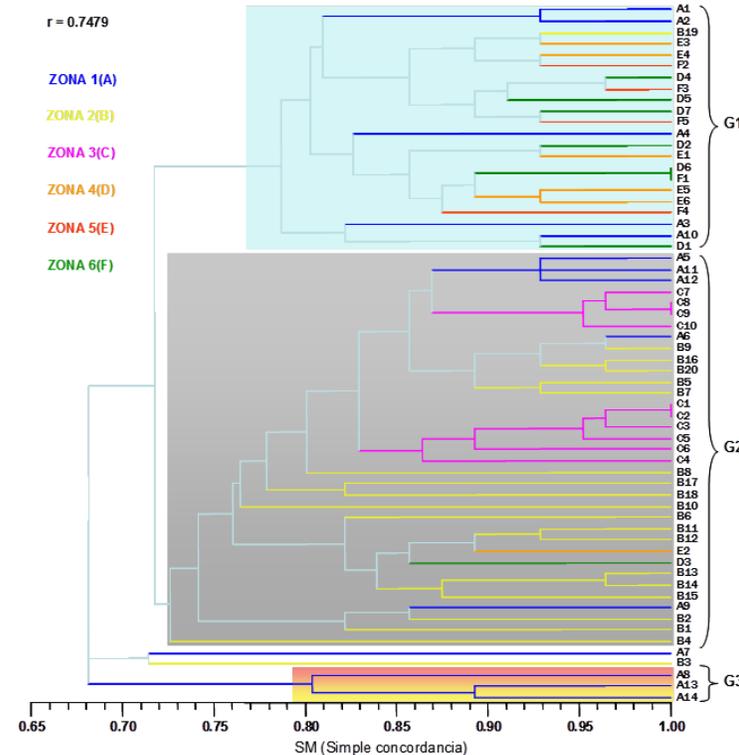
Electroforesis de amplicones

Análisis de datos

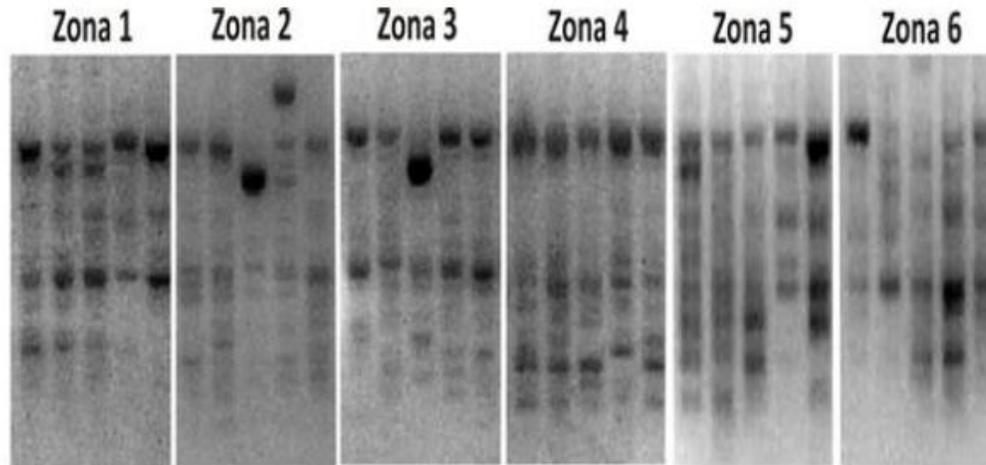
- Matriz binaria (1 y 0)
- Tamaño en pb
- Índice de diversidad de Nei
- AMOVA
- UPGMA

Iniciadores	Secuencia (5'-3')
E-31	GAC TGC GTA CCA ATT C/AA A
E-32	GAC TGC GTA CCA ATT C/AA C
E-33	GAC TGC GTA CCA ATT C/AA G
E-34	GAC TGC GTA CCA ATT C/AA T
E-36	GAC TGC GTA CCA ATT C/AC C
E-37	GAC TGC GTA CCA ATT C/AC G
M-31	GAT GAG TCC TGA GTA A/AA A
M-32	GAT GAG TCC TGA GTA A/AA C
M-33	GAT GAG TCC TGA GTA A/AA G
M-34	GAT GAG TCC TGA GTA A/AA T
M-35	GAT GAG TCC TGA GTA A/AC A
M-38	GAT GAG TCC TGA GTA A/AC T
M-39	GAT GAG TCC TGA GTA A/AG A
M-43	GAT GAG TCC TGA GTA A/AT A
TNFR	TCC TCC CTG CTC CGA TTC CG

FAR*	AGT TCC CCT AGA ATA GTT ACA
UNR*	GACGGTATCTGATCGTCTT
D1	TGG GAG TGG CAT GTA TGA CGT
F1	CAG ACG TTG ATC AAC ATC CGG
F5 X Fa	ACA GCG TTG ATC ACG TGA CGT
TNFF	AGG CAA TAG GTT TTG AGG GCC AT
F2	CAG GTA CAC GAT CTC GTC GCT AA
R5 X Fma	CTC GCT GGT CTC TCA TTT CGA TAG
D2	CTT TGG ACG AGA AGG GAA CTA GTA
E1	GTA GCA AAG TGT TGG GAC GGT GAG
E2	TGG TGG AAT GGC AGG TAG GAT TAA A
UNAP1	GTC TGC CAT CTC TAC TAC CCT AAG GTC
UNAP2	CAT GTC CCT CTA GGT ATG TGC TAT CAG



Diversidad Genética



Con los iniciadores FAR y UNR se generaron 26 bandas polimórficas
 Tamaño de las bandas varió de 200 a 1500 pb

Bandas de ADN amplificadas con el iniciador FAR de muestras de las seis zonas

ZONAS	SIMILITUD GENETICA PROMEDIO
1	0,80
2	0,77*
3	0,88**
4	0,84
5	0,82
6	0,86

*** Menos Polimórfico**

**** Mas Polimórfico**

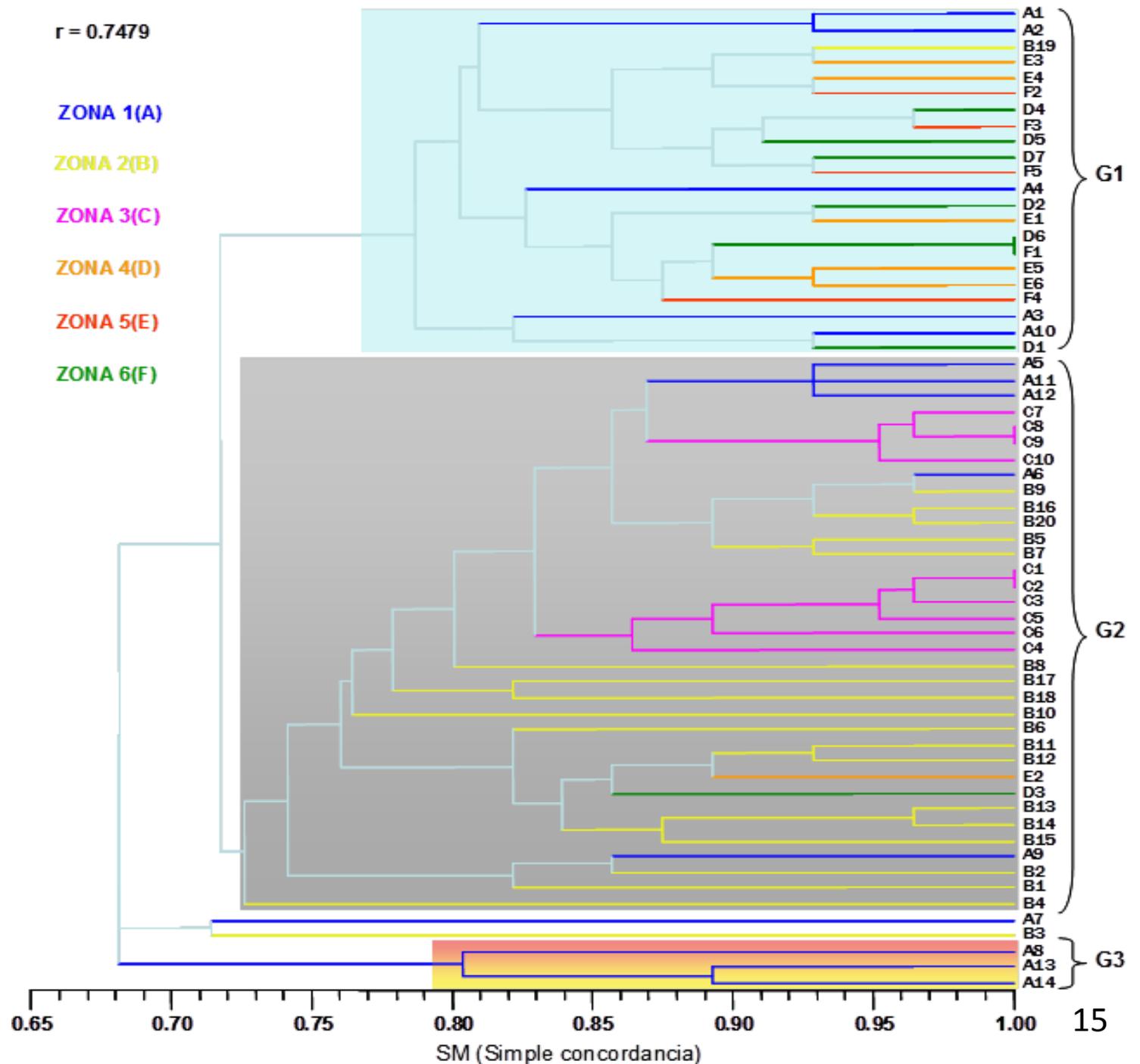


Diversidad Genética

Agrupamiento de las muestras de aguaje usando medias aritméticas no ponderadas (UPGMA)

3 grupos que incluyen individuos de diferentes zonas:

- **No hay estructuración genética**
- **Existe flujo genético**



Artículo Original

**Diversidad genética y filogenia molecular de poblaciones de
Mauritia flexuosa L.f. "aguaje" de la Amazonía Peruana**[Genetic diversity and molecular phylogenie in populations of *Mauritia flexuosa* L.f. "aguaje" in the Peruvian Amazon]Jorge Angulo-Quintanilla¹, Jorge L. Marapara-Del Águila¹, Dixner Rengifo-Trigoso¹, Pedro M. Adrianzén-Julca¹, Freddy Ramírez-Arévalo², Janeth Braga-Vela¹, Juan C. Castro-Gómez^{1*}¹ Instituto de Investigación de La Facultad de Ciencias Biológicas. Departamento Académico de Ciencias Biomédicas y Biotecnología. Universidad Nacional de La Amazonía Peruana (UNAP). Pevás 5ta. Cuadra S/N. Iquitos-Perú.² Departamento Académico de Manejo Forestal. Facultad de Ciencias Forestales. UNAP.

*e-mail: juanccgomez@yahoo.es

Resumen

Mauritia flexuosa es una especie vegetal amazónica que forma extensas poblaciones denominadas "aguajales". Como los pobladores amazónicos emplean varios órganos de *M. flexuosa* para suplir sus necesidades y con fines comerciales, se está ejerciendo un gran impacto negativo sobre esta especie. A pesar de ello, a la fecha no se conoce la diversidad genética de esta especie en la Amazonía peruana. Consecuentemente, los planes de manejo para la especie serían limitados sin este tipo de información. Por tanto, el objetivo de esta investigación fue determinar la diversidad genética y filogenia molecular de poblaciones de *M. flexuosa* aledañas a la carretera Iquitos-Nauta. Las hojas se colectaron en seis zonas contiguas a la carretera Iquitos-Nauta. El ADN purificado con protocolos estándares fue amplificado mediante la técnica de ADN Polimórfico Amplificado al Azar (RAPD) con dos cebadores aleatorios. En total se generaron 28 amplicones RAPD (26 polimórficos y 2 monomórficos). Dentro de los aguajales la diversidad genética fue tres veces mayor (75 ± 19 %) que la diversidad genética entre las seis poblaciones de *M. flexuosa* (25 ± 19 %). La diferenciación genética entre las poblaciones varió de 0,0 a 0,6. Los aguajales que se agruparon en clados en el dendrograma por su mayor similitud genética tuvieron proximidad geográfica. La similitud genética entre las poblaciones de *M. flexuosa* depende de la distancia geográfica, de tal manera que las poblaciones con más similitud genética están más próximas entre sí que las que tienen menos similitud genética.

Palabras Clave: frutos amazónicos, genética de poblaciones, palmera amazónica, RAPD.

Conclusión

Las poblaciones de *M. flexuosa* presentan mayor diversidad genética intrapoblacional (75%) que interpoblacional (25%)

El análisis molecular de varianza determinó que la contribución a la mayor diversidad genética se debió a las diferencias dentro de cada grupo poblacional

El Análisis de Conglomerados reflejó una conformación de 3 grupos o clusters.



UNAP

**Vicerrectorado de Investigación
Centro Investigaciones Recursos Naturales Amazónico
Unidad Especializada de Biotecnología
CIRNA-UEB**

