

## RESUMEN

Autor [Huaraca Meza, F.](#)  
Autor corporativo [Universidad Nacional Agraria La Molina, Lima \(Peru\). Escuela de Posgrado, Maestría en Mejoramiento Genético de Plantas](#)  
Título Variabilidad genética de maca (*Lepidium meyenii* Walp) de la Meseta de Bombón - Junín, Perú  
Impreso Lima : UNALM, 2016

### Copias

Ubicación	Código	Estado
Sala Tesis	<a href="#">F30. H837 - T</a>	USO EN SALA
Descripción	85 p. : 24 fig., 15 cuadros, 74 ref. Incluye CD ROM	
Tesis	Tesis (Mag Sc)	
Bibliografía	Posgrado : Mejoramiento Genético de Plantas	
Sumario	Sumarios (En, Es)	
Materia	<a href="#">LEPIDIUM MEYENII</a> <a href="#">VARIEDADES</a> <a href="#">VARIACION GENETICA</a> <a href="#">HIPOCOTILOS</a> <a href="#">MARCADORES GENETICOS</a> <a href="#">TECNICAS ANALITICAS</a> <a href="#">EVALUACION</a> <a href="#">PERU</a> <a href="#">MACA</a> <a href="#">VARIABILIDAD GENETICA</a> <a href="#">VARIABILIDAD MORFOLOGICA</a> <a href="#">MORFOTIPOS</a> <a href="#">MESETA DE BOMBON</a> <a href="#">JUNIN (DPTO)</a>	
Nº estándar	PE2017000418 B / M EUVZ F30	

La maca, originaria de los Andes Centrales, es cultivada entre los 3500 a 4500 msnm principalmente en el departamento de Junín. Su importancia es debido a sus propiedades reconstituyentes y vigorizantes, lo que permite prevenir enfermedades oncogénicas y mejorar la salud. El presente trabajo tuvo como objetivo caracterizar morfológica y molecularmente y estimar la variabilidad genética de 138 accesiones de maca cultivada procedente de los distritos Óndores, Carhuamayo y Junín. Estas accesiones fueron caracterizadas con ocho descriptores morfológicos del hipocótilo y con cinco combinaciones de iniciadores de AFLP. Se realizaron análisis de componentes principales (CP) para identificar los descriptores más informativos y discriminantes entre las accesiones de maca, y análisis de agrupamientos para identificar los morfotipos. Los primeros tres CP explicaron el 61 por ciento de la variabilidad total en las accesiones de maca, siendo los descriptores más importantes el color secundario del hipocótilo, seguido por la distribución del color secundario, intensidad del color del hipocótilo, distribución del color de la pulpa, el color secundario de la pulpa y la forma del hipocótilo. El análisis de agrupamiento permitió la identificación de 134 morfotipos diferentes, en un coeficiente de disimilitud de cero, lo que indica un 4,3 por ciento de accesiones duplicadas. En el análisis molecular las cinco combinaciones de iniciadores generaron 187 bandas, de los cuales 41,7 por ciento fueron polimórficas. El AMOVA permitió identificar que 95,7 por ciento de la variabilidad genética se encuentra entre las accesiones dentro de los distritos y sólo el 4,3 por ciento, entre los distritos. El índice de fijación ( $F_{st}=0,04295$ ) sugiere que la diferenciación genética entre los tres distritos es muy pequeña. Estos análisis muestran alta variabilidad en la población estudiada. Estos resultados ayudarán al planteamiento de futuras estrategias de colección, manejo, utilización y conservación de germoplasma de maca en el Perú.

## **Abstract**

Maca is a native crop from the Central Andes, growing between 3500-4500 meters above sea level, mainly in the department of Junín. In this study, the main objective was to characterize morphologically and molecularly and estimate the genetic variability of 138 cultivated maca accessions from Ondores, Carhuamayo and Junin districts. The whole group of accessions were characterized by using eight morphological descriptors for hypocotyl and five AFLP primer combinations. Principal component (PC) analysis was statistically used to identify the most informative and discriminant descriptors and cluster analysis to identify morphotypes of maca accessions. The first three PC explained 61% of the total variability of the maca accessions where the most important descriptors were the secondary color of the hypocotyl, followed by the distribution of secondary color and hypocotyl color intensity, flesh color distribution, flesh secondary color and shape of the hypocotyl. The cluster analysis showed the identification of 134 different morphotypes according to the zero dissimilarity coefficients, as result of 4.3% of duplicate accessions. Molecular analysis in five combinations of primers generated 187 bands, 41.7% were identified as polymorphics.

The AMOVA analysis showed that 95.7% of the genetic variability was found among accessions within districts and only 4.3% among districts. The fixation index ( $F_{st} = 0.04295$ ) suggested that genetic differentiation among the three districts was very small. These results showed high variability in the population studied. In conclusion, this work will help to approach future strategies of collection, management, utilization and conservation of maca germplasm in Peru.