

RESUMEN

Autor [Quispe López, L.R.](#)

Autor corporativo [Universidad Nacional Agraria La Molina, Lima \(Peru\). Facultad de Ciencias Forestales](#)

Título **Caracterización molecular de Guadua spp procedentes de la selva central del Perú, utilizando marcadores ISSR**

Impreso Lima : UNALM, 2019

Copias

Ubicación	Código	Estado
Sala Tesis	F30. Q854 - T	USO EN SALA
Descripción	121 p. : 22 fig., 15 tablas, 69 ref. Inclouye CD ROM	
Tesis	Tesis (Ing Forestal)	
Bibliografía	Facultad : Ciencias Forestales	
Sumario	Sumario (Es)	
Materia	GUADUA VARIACION GENETICA MARCADORES GENETICOS SECUENCIA DE ADN ANATOMIA DE LA PLANTA IDENTIFICACION DISTRIBUCION GEOGRAFICA EVALUACION PERU GUADUA WEBERBAUERI GUADUA SACOCARPA MARCADORES ISSR CARACTERIZACION MOLECULAR CARACTERISTICAS GENOMICAS SELVA CENTRAL	
Nº estándar	PE2019000404 B / M EUVZ F30; F50	

Debido al problema en la identificación entre Guadua weberbaueri y Guadua sarcocarpa. Se utilizaron marcadores moleculares ISSR para evaluar la diversidad genética de siete poblaciones naturales en la selva central del Perú. 96 ejemplares (hojas) de diferentes agrupaciones de culmos de G. weberbaueri y G. sarcocarpa fueron colectados; posteriormente se encontró que estos 96

ejemplares, correspondían a 75 individuos (21 fueron duplicados de otros) De seis primers seleccionados, se generaron 112 loci, de los cuales 95 fueron polimórficos (82,87%). El índice de Shannon en las poblaciones varió de 0,0431 (Satipo 2) a 0,2111 (Sepahua 1); 0,2647 en *G. weberbaueri*, 0,3876 en *G. sarcocarpa* y 0,5223 entre todos los individuos. La diversidad génica de Nei en las poblaciones varió de 0,0296 (Satipo 2) a 0,1366 (Sepahua 1); 0,1728 (*G. weberbaueri*), 0,2278 (*G. sarcocarpa*) y 0,3519 (todos los individuos). La diferenciación genética (GST) fue 0,8266 dentro de todos los individuos, 0,7586 dentro de *G. weberbaueri* y 0,4870 dentro de *G. sarcocarpa*, se expresa una alta diferenciación dentro de cada grupo. La diferenciación genética de Wright (FST) entre pares de poblaciones varió de 0,3563 (Cacazú vs Génova) a 0,9073 (Génova vs Sepahua 2), valores suficientes para definir grupos distintos. Existe diferencia significativa de la variación genética entre especies (p-valor = 0,0479), diferencia altamente significativa de la variación genética entre poblaciones dentro de especies (p-valor = 0,0000) y de la variación genética entre todas las poblaciones (p-valor = 0,0000). La contribución en porcentaje de cada componente de variación genética fue 54,04 entre especies, 28,68 entre poblaciones dentro de especies y 17,29 entre todas las poblaciones. Se identificaron 2 clados de especímenes de bambú, congruentes con los análisis UPGMA-Jaccard, PCoA, nmMDS y dendograma sin raíz, corresponden a especies diferentes y están de acuerdo a su clasificación taxonómica natural. Clado (1) *Guadua weberbaueri*, con cuatro subclados (1.1) formado por 8 individuos de Bella Vista; (1.2) formado por 8 individuos de Satipo 2; (1.3) formado por 4 individuos de Cacazú y 4 de Génova y (1.4) formado por 10 individuos de Satipo 1. Clado (2) *Guadua sarcocarpa*, con dos subclados (2.1) formado por 31 individuos de Sepahua 1 y (2.2) formado por 10 individuos de Sepahua 2.

ABSTRACT

Due to the problem in the identification between *Guadua weberbaueri* and *Guadua sarcocarpa*. ISSR molecular markers were used to assess the genetic diversity of seven natural populations in the central jungle of Peru. 96 specimens (leaves) from different culm clusters of *G. weberbaueri* and *G. sarcocarpa* were collected; Later, it was found that these 96 specimens corresponded to 75 individuals (21 were duplicates of others). Of six selected primers, 112 loci were generated, of which 95 were polymorphic (82.87%). The Shannon index in the populations ranged from 0.0431 (Satipo 2) to 0.2111 (Sepahua 1); 0.2647 in *G. weberbaueri*, 0.3876 in *G. sarcocarpa* and 0.5223 among all individuals. Nei gene diversity in populations ranged from 0.0296 (Satipo 2) to 0.1366 (Sepahua 1); 0.1728 (*G. weberbaueri*), 0.2278 (*G. sarcocarpa*) and 0.3519 (all individuals). The genetic differentiation (GST) was 0.8266 within all individuals, 0.7586 within *G. weberbaueri* and 0.4870 within *G. sarcocarpa*, a high differentiation is expressed within each group. Wright's genetic differentiation (FST) between pairs

of populations ranged from 0.3563 (Cacazú vs. Genoa) to 0.9073 (Genoa vs. Sepahua 2), enough values to define different groups. There is a significant difference in genetic variation between species (p-value = 0.0479), a highly significant difference in genetic variation between populations within species (p-value = 0.0000) and in genetic variation between all populations (p-value = 0.0000). The percentage contribution of each component of genetic variation was 54.04 between species, 28.68 between populations within species, and 17.29 among all populations. Two clades of bamboo specimens were identified, consistent with UPGMA-Jaccard, PCoA, nmMDS and rootless dendrogram analyzes, corresponding to different species and according to their natural taxonomic classification. Clado (1) *Guadua weberbaueri*, with four subclados (1.1) formed by 8 individuals from Bella Vista; (1.2) made up of 8 individuals from Satipo 2; (1.3) formed by 4 individuals from Cacazú and 4 from Genoa and (1.4) formed by 10 individuals from Satipo 1. Clado (2) *Guadua sarcocarpa*, with two subclades (2.1) formed by 31 individuals from Sepahua 1 and (2.2) formed by 10 individuals from Sepahua 2.