

UNIVERSIDAD NACIONAL DE SAN ANTONIO ABAD DEL CUSCO

FACULTAD DE CIENCIAS

ESCUELA PROFESIONAL DE BIOLOGÍA



TESIS PARA OPTAR EL TÍTULO PROFESIONAL DE BIÓLOGO

**DIVERSIDAD GENÉTICA DE *Peronospora variabilis*
Gäum. (1919) MEDIANTE EL GEN MITOCONDRIAL ND1**

Presentada por:

Bach. MICHAEL BRYAN MANOTUPA
TUPA

Asesora :

Mgt. JULIA GRISELDA MUÑIZ DURAN

Co - asesor:

Ing. RIGOBERTO ESTRADA ZUNIGA

CUSCO – PERÚ

2021

RESUMEN

El mildiu de la quinua causado por *Peronospora variabilis* es la enfermedad más importante del cultivo que ocasiona pérdidas que pueden llegar hasta el 100%, esta enfermedad se ha diseminado por todo el mundo en áreas donde se cultiva la quinua, y actualmente no se conoce sobre la existencia de razas fisiológicas, sin embargo se ha identificado un comportamiento peculiar en variedades de quinua que fueron liberadas con resistencia a mildiu en un determinado lugar, al ser cultivadas en áreas geográficas diferentes la enfermedad se presenta con diferente grado de reacción lo que pone en manifiesto la existencia de variabilidad intraespecífica del patógeno. Por lo que nos planteamos el objetivo de determinar la diversidad genética de *Peronospora variabilis* mediante el análisis de la secuencia gen mitocondrial ND1.

Se realizó la prospección de muestras de *Peronospora variabilis* en cinco regiones del sur del Perú: Ayacucho, Apurímac, Cusco, Arequipa y Puno, se multiplicó el inóculo colectado bajo condiciones de laboratorio e invernadero, mediante la técnica de inoculación controlada en hojas vivas de quinua variedad Quillahuaman INIA altamente susceptible. El mantenimiento del inóculo consistió en la multiplicación de esporangios del patógeno bajo condiciones de laboratorio y almacenamiento bajo condiciones congeladas. La determinación de posibles grupos de virulencia se ejecutó inoculando plántulas de 100 accesiones del germoplasma de quinua en condiciones de laboratorio con 80 aislados de *Peronospora variabilis*. Por otro lado se estudió la diversidad genética amplificando y secuenciando el gen mitocondrial ND1. El protocolo de mantenimiento y producción de inóculo fue eficaz ya que se consiguió disponer de inóculo suficiente para los subsecuentes análisis. Mediante la inoculación artificial de 100 accesiones de quinua, se logró clasificarlos en dos grupos de virulencia mediante la prueba de Friedman. Del análisis molecular se identificó tres puntos de mutación los cuales resultaron heteroplasmicos para algunos aislados lo que permitió identificar 6 haplotipos mitocondriales y un índice de diversidad haplotípico regularmente alto de 0.697 mediante el análisis de la secuencia parcial del gen ND1, además se determinó que el 73% de la variabilidad genética esta explicada por la variación dentro de cada región es decir, no existe una estructuración genética poblacional.