



**“DIVERSIDAD Y ESTRUCTURA GENÉTICA DE VASCONCELLEA
PUBESCENS CULTIVADA EN CHILE, EVALUADA MEDIANTE
MARCADORES ISSR”**

**PATRICIO ALEJANDRO AVILA FIGUEROA
MAGISTER EN HORTICULTURA**

RESUMEN

Vasconcella pubescens (A. DC.) Badillo (Caricaceae), es originaria de los Andes ecuatorianos y colombianos, desde donde habría sido introducida a Chile antes de la conquista española. En Chile *V. pubescens* ha sido sometida a condiciones de cultivo, principalmente para aprovechar su fruta en la industria de conservas, jugos y mermeladas. Actualmente en Chile se cultivan alrededor 225 ha., representadas principalmente por explotaciones comerciales establecidas en la zona norte (30°-33° Lat. Sur). Si bien en la zona sur (35°- 38° Lat. Sur) *V. pubescens* también es explotada en pequeñas producciones comerciales, la mayor parte es cultivada en huertos caseros. Tradicionalmente los agricultores han obtenido sus plantas al partir de semillas provenientes de sus mismos huertos, seleccionando aquellas plantas que exhiben mejores características agronómicas, en la zona sur los productores de una misma zona además intercambian material genético. Los registros oficiales Servicio Agrícola y Ganadero; SAG-Chile) indican que la especie no ha sido reintroducida al país en tiempos modernos. Así, *V. pubescens* en Chile tendría como base genética el material prehispánico, a partir del cual sucesivos eventos fundadores, mediados por los propios agricultores, habrían originado los

diferentes grupos actualmente cultivados. Las circunstancias bajo las cuales *V. pubescens* ha evolucionado en Chile, pueden haber condicionado fuertemente su organización y diversidad genética. Para este estudio se colectaron muestras de 333 individuos de *V. pubescens* provenientes de 5 grupos geográficos definidos en la zona norte (29°58'30,1" - 32°23'35,5" Lat. S.) y 5 en la Zona sur (34°50'48,9"- 38°06'47,9" Lat. S). Los mismos representan prácticamente toda el área de distribución de la especie en Chile. Las muestras fueron examinadas mediante partidores Inter-Simple Sequence Repeats (ISSR). De 36 ISSR ensayados (set ISSR 100/8, Laboratorio de Biotecnología Universidad de British Columbia, Vancouver), 7 fueron seleccionados para el análisis genético, los cuales generaron 114 bandas identificables y reproducibles. El análisis de estas bandas evidenció un nivel de diversidad genética extremadamente bajo, tanto a nivel de la especie cultivada en Chile ($h = 0,1$; $I = 0,16$), como a nivel de los diferentes grupos geográficos. Sin embargo, el análisis de la varianza molecular (AMOVA) mostró que esta limitada diversidad se encuentra fuertemente estructurada entre los grupos ($F_{st} = 0,35$; $P < 0,001$). La divergencia genética resultó aún mayor entre los grupos del Norte ($F_{st} = 0,40$; $P < 0,001$). Cuando se consideraron sólo los grupos del Sur, F_{st} disminuyó a 0,18 ($P < 0,001$) indicando menor diferenciación entre estos grupos. Del mismo modo, el análisis Bayesiano de la estructura poblacional (BAPS) evidenció una mayor diferenciación entre los grupos de la zona norte, asignándole a cada grupo una pertenencia genética particular. En la zona sur el análisis bayesiano sólo identificó tres grupos genéticos diferentes. Estos resultados pueden asociarse a las circunstancias de selección y manejo cultural en cada zona de cultivo; al mismo tiempo, representan un valioso soporte empírico

para futuros programas de mejoramiento genético en *V. pubescens*, los que también pueden ser extrapolados a otras Vasconcelleas.

ABSTRACT

Vasconcellea pubescens (A. DC.) Badillo (Caricaceae), is native of the Ecuadorian and Colombian Andes, from where it would have been introduced to Chile before the Spanish conquest. In Chile *V. pubescens* has been subjected to cultivation, mainly for the use of its fruit in the industry as canned fruits, juices and jam. Currently, around 225 ha are cultivated in this country, represented mainly by commercial exploitations in Northern Chile (30° a 33° Lat. South). In Southern Chile, *V. pubescens* is also exploited (35° to 38° Lat. South), but is grown in small commercial productions, and especially in home gardens. Traditionally farmers have selected their seeds from plants with best horticultural characteristics coming from their own or, in the case of southern growers, also from neighbouring orchards. The Official register (Servicio Agrícola y Ganadero; SAG-Chile) indicates that the species has not been reintroduced to the country in modern times. Thus, *V. pubescens* in Chile would have only genetic input based in prehispanic material, from which successive founder events, mediated by the own farmers, have originated the different groups cultivated at the present time. The circumstances under which *V. pubescens* has evolved in Chile, would have strongly conditioned its organization and genetic diversity. The objective of this investigation was to study the level and organization of the genetic diversity in *V. pubescens* cultivated in Chile. Young leaves were collected from 333 adult plants, which represented practically all the cultivated area in Chile, belonging to 5 geographical groups defined as the North Area (29°58'30.1" - 32°23'35.5" Lat. S.) and 5 groups in the South Area (34°50'48.9"- 38°06'47.9" Lat. S). Samples were analyzed by means of

Inter-simple sequence repeat (ISSR) markers. From the 36 ISSR screened (set ISSR 100/8, Biotechnology Laboratory from University of British Columbia, Vancouver), 7 were selected for genetic analysis, which generated 114 identifiable and reproducible bands. Analysis of these bands evidenced an extremely low level of genetic diversity, both at the level of the species cultivated in Chile ($h = 0.1$; $I = 0.16$), as well as among geographical groups. However, the analysis of molecular variance (AMOVA) showed that this limited diversity is strongly structured among groups ($F_{st} = 0.35$, $P < 0.001$). The genetic divergence was even bigger among Northern groups ($F_{st} = 0.40$, $P < 0.001$). When only the southern groups were considered, F_{st} diminished to 0.18 ($P < 0.001$) indicating a smaller differentiation among these groups. In the same way, the Bayesian analysis of population structure (BAPS) evidenced a larger differentiation among the Northern groups, assigning to each one a particular genetic ownership. In the South Area, the Bayesian analysis only identified 3 different genetic groups. These results can be associated to the selection circumstances and cultural handling in each cultivation area; at the same time they represent a valuable empirical support for future programs of genetic improvement in *V. pubescens* that could also be extrapolated to other *Vasconcelleas*