

**ESTRUCTURA GENÉTICA POBLACIONAL DE *Aphelinus mali* (Haldeman)  
ASOCIADO A SU HOSPEDERO *Eriosoma lanigerum* (Hausmann) EN  
CULTIVOS DE MANZANO EN CHILE:  
CONSECUENCIAS PARA EL CONTROL BIOLÓGICO**

**ANGELA ARLETTE MÉNDEZ YÁÑEZ  
INGENIERA EN BIOINFORMÁTICA**

**ÍNDICE**

|  |           |
|--|-----------|
| <b>ÍNDICE DE TABLAS.....</b>   | <b>12</b> |
| <b>ÍNDICE DE FIGURAS.....</b>  | <b>13</b> |
| <b>RESUMEN.....</b>  | <b>1</b>  |
| <b>ABSTRACT.....</b>   | <b>2</b>  |
| <b>1. INTRODUCCIÓN.....</b>  | <b>3</b>  |
| <b>2. REVISIÓN BIBLIOGRÁFICA.....</b>  | <b>5</b>  |
| .....  | 17        |
| 2.1.1. Relación entre el insecto plaga <i>E. lanigerum</i> y su parasitoide <i>A.</i><br>..... | 18        |
| 2.2. Genética de poblaciones.....  | 19        |

|  |           |
|--|-----------|
| 2.1.1. Estructura genética de una población.....   | 19        |
| 2.1.2. Estructura genética poblacional en <i>E. lanigerum</i> y <i>A. mali</i> .....           | 20        |
| 2.1.3. Marcadores moleculares.....   | 22        |
| 2.2. Control biológico de plagas agrícolas.....  | 5         |
| 2.2.4. Caracterización de marcadores moleculares para <i>E. lanigerum</i> y <i>A. mali</i> ... | 12        |
| 2.3. Cuantificación y caracterización de la estructura genética poblacional.....               | 12        |
| 2.3.1.   |           |
| Cálculos estadísticos y aplicaciones computacionales.....                                      | 13        |
| <b>3. HIPÓTESIS DE TRABAJO.....</b>  | <b>15</b> |
| <b>4. OBJETIVOS.....</b>   | <b>15</b> |
| 4.1. Objetivo general.....   | 15        |
| 4.2. Objetivos específicos.....  | 16        |
|  | iv        |
| <b>5. MATERIALES Y MÉTODOS.....</b>  | <b>17</b> |
| 5.1. Materiales.....   | 17        |
| 5.1.1. Recolección de hospederos y parasitoides.....   | 17        |
| 5.1.2. Extracción de ADN de los insectos recolectados.....                                     | 19        |

|  |    |
|--|----|
| 5.2. Métodos.....  | 20 |
| 5.2.1. Corrección y análisis de microsatélites.....                              | 20 |
| 5.2.2. Diversidad genética de las poblaciones.....                               | 22 |
| 5.2.3. Estructura genética poblacional.....                                      | 23 |
| 5.2.3.1. Método clásico.....   | 23 |
| 5.2.3.2. Métodos bayesianos.....   | 24 |
| 5.2.3.2.1. MCMC.....   | 24 |
| 5.2.3.2.2. Optimización estocástica.....   | 26 |
| 5.2.4. Correlación entre genotipos de <i>E. lanigerum</i> y <i>A. mali</i> ..... | 26 |

## 6. RESULTADOS..... 28

|  |    |
|--|----|
| 6.1. Corrección y análisis de microsatélites.....  | 28 |
| 6.2. Diversidad genética.....  | 31 |
| 6.3. Estructuración genética poblacional.....  | 35 |
| 6.4. Correlación de la variabilidad genética de <i>E. lanigerum</i> y <i>A. mali</i> entre huertos.... | 40 |

## 7. DISCUSIÓN..... 41

|  |    |
|--|----|
| 7.1. Diversidad y estructura genética poblacional de <i>E. lanigerum</i> ..... | 41 |
| 7.2. Diversidad y estructura genética poblacional de <i>A. mali</i> .....      | 42 |
| 7.3. Interacción entre <i>E. lanigerum</i> y su parasitoide.....               |    |
| 43 7.4. Recomendaciones para el manejo de plagas de <i>E. lanigerum</i> .....  |    |

**8. CONCLUSIONES.....**  
**..... 45**

**9. REFERENCIAS.....**  
**.... 46**

**10. ANEXOS.....**  
**....**  
**54**

10.1. Presentación a Congresos Internacionales..... 54

## ÍNDICE DE TABLAS

|   |    |
|---|----|
| <b>Tabla 1.</b> Coordenadas GPS de las localidades muestreadas entre las regiones de Valparaíso y Bio Bío, ordenadas de acuerdo al tipo de huerto.....  | 17 |
| <b>Tabla 2.</b> Características de los microsátélites utilizados para la genotipificación de <i>E. lanigerum</i> .....  | 18 |
| <b>Tabla 3.</b> Características de los microsátélites utilizados para la genotipificación de <i>A. mali</i> .....   | 19 |
| <b>Tabla 4.</b> Resumen estadístico de la estimación de la frecuencia de alelos nulos por locus en datos de <i>E. lanigerum</i> y <i>A. mali</i> sin corrección con el programa Micro –Checker..... | 29 |
| <b>Tabla 5.</b> Estimación de la frecuencia de alelos nulos en <i>E. lanigerum</i> y <i>A. mali</i> en datos con y sin corrección, estimada con Genepop.....  | 30 |
| <b>Tabla 6.</b> Resumen de diversidad genética para <i>E. lanigerum</i> .....   | 33 |
| <b>Tabla 7.</b> Resumen de diversidad genética para <i>A. mali</i> .....  | 34 |

## ÍNDICE DE FIGURAS

- Figura 1.** Escenario de estructura genética poblacional entre *E. lanigerum* y *A. mali*, en donde ambos se encuentran estructurados y asociados..... 9
- Figura 2.** Escenario de estructura genética poblacional en donde *E. lanigerum* y *A. mali* se encuentran estructurados genéticamente, pero no relacionados..... 10
- Figura 3.** Ausencia total de estructuración por parte de *A. mali*, sin correlación alguna entre la estructura genética poblacional de ambos organismos..... 10
- Figura 4.** Mapa geográfico de las 17 localidades muestreadas dentro del Valle Central de Chile..... 17
- Figura 5.** Diagrama de flujo de trabajo desde la corrección y análisis de microsatélites hasta el análisis de interacción entre *E. lanigerum* y *A. mali*..... 23
- Figura 6.** Gráfica de la heterocigosidad observada y esperada en *A. mali* en datos sin corrección estimada con el programa Genepop..... 31
- Figura 7.** Resultados del análisis de varianza molecular (AMOVA) de las poblaciones de *E. lanigerum*..... 35

|  |    |
|--|----|
| <b>Figura 8.</b> Resultados del análisis de varianza molecular (AMOVA) de las poblaciones de <i>A. mali</i> .....  | 36 |
| <b>Figura 9.</b> Valores promedio del logaritmo de la máxima verosimilitud calculada con el programa StasisGen en (a) <i>E. lanigerum</i> y (b) <i>A. mali</i> ..... | 38 |
| <b>Figura 10.</b> Representación gráfica de la estructuración genética poblacional estimada con Structure en (a) <i>E. lanigerum</i> y (b) <i>A. mali</i> .....      | 37 |
| <b>Figura 11.</b> Estructura genética poblacional de <i>E. lanigerum</i> estimada con el programa BAPS.....  | 39 |
| <b>Figura 12.</b> Mapa de flujo génico de 10 clusters genéticos de <i>E. lanigerum</i> , calculado con BAPS.....   |    |