

# VIII CONGRESO ECUATORIANO DE LA PAPA

## Libro de MEMORIAS



Organizado por:



UNIVERSIDAD  
TÉCNICA DE AMBATO



www.congresodelapapa.com

# VIII CONGRESO ECUATORIANO DE LA PAPA

## Soberanía Alimentaria y Nutrición

### TEMÁTICAS:

- Mejoramiento Genético y Biotecnología
- Sanidad Vegetal (Fitopatología y Entomología)
- Poscosecha (Agroindustria, Almacenamiento y Valor Nutricional)
- Producción y Tecnología de Semillas
- Agronomía (Suelos, Riego, Fertilización, Fisiología y Sistemas de Producción)
- Socio-Economía (Saberes Ancestrales, Mercado, Organizaciones Campesinas y Comercialización)

PONENCIAS, CONFERENCIAS  
MAGISTRALES Y FERIA DE  
INNOVACIÓN TECNOLÓGICA DE LA PAPA

**27-28 DE JUNIO DEL 2019**

Centro de Cultura y Deportes  
(Campus Huachi)

**DIA DE CAMPO FCAGP  
29 DE JUNIO DEL 2019**

(Campus Querochaca)  
Cantón Cevallos

ORGANIZADORES



UNIVERSIDAD  
TÉCNICA DE AMBATO



AUSPICIA Proyecto PAPACLIMA:



VIII CONGRESO  
ECUATORIANO  
DE LA PAPA

“SOBERANÍA ALIMENTARIA  
Y NUTRICIÓN”

**Artículos del VIII-CEP-2019**

*Ambato – Tungurahua – Ecuador  
Junio 27 - 28*

# VIII CONGRESO ECUATORIANO DE LA PAPA

“SOBERANÍA ALIMENTARIA  
Y NUTRICIÓN”

## ***ARTÍCULOS DEL VIII-CEP-2019***

VIII CONGRESO ECUATORIANO DE LA PAPA

“Soberanía Alimentaria y Nutrición”

Primera edición, 2019

450 ejemplares

Rivadeneira J., Racines M., Cuesta X. (Eds.). 2019. Artículos del Octavo Congreso Ecuatoriano de la Papa. Ambato, Ecuador. pp 150.

**Prólogo:** Comité Organizador. VIII Congreso Ecuatoriano de la Papa

***Impreso en IDEAZ, Quito-Ecuador, junio 2019***

ISBN: 978-9942-22-449-1

*“Prohibida la reproducción total o parcial por cualquier medio sin autorización escrita del titular de los derechos patrimoniales”*



# VIII CONGRESO ECUATORIANO DE LA PAPA

Soberanía Alimentaria y Nutrición

## CONFERENCIAS MAGISTRALES

# Diferencias genéticas de las tres polillas que atacan el cultivo de papa en Ecuador

Carmen Castillo C.<sup>1</sup>, Zhen Fu<sup>2</sup>

<sup>1</sup> Instituto Nacional de Investigaciones Agropecuarias (INIAP).

<sup>2</sup> Washington State University. [carmen.castillo@iniap.gob.ec](mailto:carmen.castillo@iniap.gob.ec)

**Palabras clave:** PCR, Secuenciación, plagas.

## INTRODUCCIÓN

En los pasados treinta años, tres especies de polillas de la papa *Tecia solanivora* (Ts), *Symmetrischema tangolias* (St) y *Phthorimaea operculella* (Po) se han movilizado entre países del norte de los Andes y Centro América hacia el sur del continente (Dangles et al. 2008, Torres et al. 2011).

Estas tres especies están taxonómicamente relacionadas pero difieren en características morfológicas, etológicas (Dangles et al. 2008) y genéticas (Torres et al. 2011), y se encuentran comúnmente infestando, en diferente proporción de especies, el cultivo de papa en el campo y almacenamiento. Dependiendo de la latitud y altitud, prácticas culturales, variables naturales y otros factores, han influido en las diferentes cantidades de especímenes por especie, la distribución de las especies, y del daño causado por el complejo de polillas entre regiones (Dangles et al. 2009). Los daños llegan a causar pérdidas que llegan al 80-100% de la papa almacenada en la región andina (Dangles et al. 2008, INIAP 2010).

El proyecto “Fortalecimiento de la innovación para mejorar los ingresos, la seguridad alimentaria y la resiliencia de productores de papa en Bolivia, Ecuador y Perú” financiado por el Fondo Internacional de Desarrollo Agrícola (FIDA) y el CIP, ejecutó la actividad de caracterizar genéticamente las tres especies de polillas presentes en cuatro provincias del Ecuador.

## MATERIALES Y MÉTODOS

La colecta de especímenes vivos de las tres especies de polillas se realizó mediante la utilización de feromonas para cada especie colocadas en campo en zonas paperas de las provincias de Bolívar, Cotopaxi, Chimborazo y Tungurahua. Los especímenes fueron preservados en alcohol hasta la realización de los análisis moleculares.

Se extrajo el ADN del cuerpo sin alas de individuos de cada especie de polillas utilizando un kit comercial (Qiagen DNeasy Blood & Tissue Kit). La reacción del PCR fue realizada bajo las descripciones y primers descritos por Torres et al. (2011) y Sint et al. (2016). Las secuenciaciones tipo Sanger permitieron visualizar diferencias interespecíficas de las polillas.

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Para Ts, 42 de 47 muestras amplificaron exitosamente (963 bp) y el 100% presentó un solo haplotipo, el 6, reportado anteriormente (Torres et al. 2011) (Tabla 1).

Para Po se analizaron 27 muestras, de ellas 25 mostraron una banda clara y única como el

tamaño esperado (469 pb) en la reacción de PCR. Los productos de PCR se secuenciaron y se generó una secuencia de consenso truncada a la misma longitud, 444 pb. Las secuencias de 19 muestras fueron idénticas. Hubo otros dos haplotipos presentes en el resto de las 6 muestras diferentes por uno o dos nucleótidos (Tabla 1).

De un total de 37 muestras de St, 35 mostraron una banda clara y única con el tamaño esperado (431 pb) en la reacción de PCR. Los productos de PCR fueron secuenciados. Las secuencias de consenso se truncaron a la misma longitud, 396 pb. Se determinaron cinco haplotipos dentro de las muestras de St (Tabla 1).

**Tabla 1.** Haplotipos de Ts, Po y St en cuatro provincias del Ecuador. 2018.

Provincia	Especie de polilla	Haplotipo
Todas	Ts	6
Bolívar	Po	1
Chimborazo	Po	1, 3
Cotopaxi	Po	1, 3
Tungurahua	Po	1, 2
Bolívar	St	4, 5
Chimborazo	St	1, 5
Cotopaxi	St	3, 4, 5
Tungurahua	St	2, 4, 5

## CONCLUSIONES

El único haplotipo 6 de Ts, fue el reportado por Torres et al. (2011). Para las otras dos especies este es el primer reporte de las diferencias genéticas interespecíficas en Ecuador. Para Po el haplotipo 1 fue el más frecuente (76%) y común para las cuatro provincias. Para St el haplotipo 5 fue el más frecuente (también 76%) y común para las cuatro provincias. Se necesita mayor investigación sobre las diferencias interespecíficas en la biología y ecología de los haplotipos encontrados y sus implicaciones en el manejo integrado. Además, la réplica de este estudio con especímenes provenientes de otros países, permitiría conocer el movimiento de estos haplotipos entre territorios.

## BIBLIOGRAFÍA

- Dangles, O., Carpio, C., Barragan, A. R., Zeddani, J. L., Silvain, J. F. (2008). Temperature as a key driver of ecological sorting among invasive pest species in the tropical Andes. *Ecological Applications*, 18(7), 1795-1809.
- Dangles, O., Irschick, B. D., Chittka, B. L., Casas, B. J. (2009). Variability in sensory ecology: expanding the bridge between physiology and evolutionary biology. *The Quarterly Review of Biology*, 84(1), 51-74.
- INIAP 2010. Informe anual del DNPV. EESC. Ecuador.
- Torres-Leguizamón M, Dupas S, Dardon D, Gómez Y, Niño L, Carnero A, Léry X. 2011. Inferring native range and invasion scenarios with mitochondrial DNA: the case of *T. solanivora* successive north-south step-wise introductions across Central and South America. *Biological Invasions*, 13(7), 1505-1519.
- Sint, D., Sporleder, M., Wallinger, C., Zegarra, O., Oehm, J., Dangi, N., ..., Traugott, M. 2016. A two-dimensional pooling approach towards efficient detection of parasitoid and pathogen DNA at low infestation rates. *Methods in Ecology and Evolution*, 7(12), 1548-1557.