



BAG
Journal of
Basic & Applied Genetics

COMUNICACIONES LIBRES



RRGG

**RECURSOS
GENÉTICOS**



RRGG 1

GENETIC VARIABILITY IN SWEET POTATO LANDRACES COLLECTED IN RIO DE JANEIRO STATE, BRAZIL

Moulin MM¹, R Rodrigues¹, LSA Gonçalves¹, CP Sudré¹, MG Pereira¹. ¹Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro.

e-mail: moniquemoulin@gmail.com

In Brazil, small farmers are responsible for sweet potato production as well as for landraces maintenance. These landraces are considered an important repository of genes that can be used in breeding programs. However, exchanging the sweet potato cultivation for other vegetables and replacing the sweet potato landraces for commercial cultivars are emerging as potential risk of genetic erosion in sweet potato crop. The aims of this work were to collect sweet potato in small farms and in local farmers' markets in two municipalities in Rio de Janeiro state, Brazil; to characterize and to estimate the genetic divergence among collected accessions using ISSR markers. Seventy five sweet potato accessions were collected being 56 in small farms and 19 in local markets. Nineteen ISSR polymorphic primers previously selected were used and based on banding pattern observed a binary data matrix was constructed. A total of 146 bands were observed, being 135 polymorphic (92.4%) and 11 monomorphic (7.6%). The mean number of polymorphic fragments for each primer was 7.1. UPGMA clustered the accessions in seven groups with 0.27 mean distance between the accessions. No correlation was observed among collecting areas and genetic distance measured by Jaccard Index. It was observed high level of polymorphism and no duplicates between the accessions demonstrating that large genetic variability is still being kept by small farmers in the studied areas.

RRGG 2

COMPATIBILIDAD POLEN-PISTIL ENTRE LA ZANAHORIA CULTIVADA Y TRES ESPECIES SILVESTRES EMPARENTADAS

Ibañez MS¹, EL Camadro¹. ¹EEA Balcarce, INTA-FCA, UNMdP. e-mail: ecamadro@balcarce.inta.gov.ar

Con fines de mejoramiento genético, se evaluaron relaciones de compatibilidad polen-pistilo entre la zanahoria cultivada (*Daucus carota* L. var. *sativus* Hoffm., $2n=2x=18$) y especies silvestres

emparentadas de la Argentina. Se realizaron cruzamientos controlados entre una línea androestéril (USDA) de zanahoria cultivada con tres introducciones de *D. pusillus* Michx ($2n=2x=22$), una de *D. montanus* Humb. et Bonpl. ex Schult ($2n=6x=66$) y una de *D. carota* L. silvestre ($2n=2x=18$). Por combinación genotípica (12-15 flores polinizadas), se procesaron tres flores para observación con microscopía de fluorescencia; el resto se dejó en la planta para obtención de frutos. En los cruzamientos con (a) *D. pusillus*, se observaron granos de polen sin germinar y e inhibición de tubos polínicos en (1) superficie del estigma y (2) primer tercio del estilo; algunos tubos llegaron al ovario pero no hubo fructificación, (b) *D. montanus*, el polen no germinó, (c) *D. carota* silvestre, los tubos polínicos alcanzaron el ovario y hubo fructificación. La línea androestéril es completamente compatible con los genotipos de *D. carota* silvestre utilizados y presenta barreras pre-cigóticas incompletas con los genotipos de *D. pusillus*. La falta de germinación del polen no permite concluir sobre los genotipos de *D. montanus*, porque puede deberse al estado fisiológico de los estigmas en el momento de la polinización. La realización de cruzamientos adicionales utilizando otros genotipos cultivados y las mismas introducciones permitirá arribar a conclusiones más precisas sobre las barreras a la hibridación en este grupo de especies.

RRGG 3

CARACTERIZACIÓN DE GERMOPLASMA DE TABACO EMPLEANDO MARCADORES MICROSATÉLITES

Cuellar D¹, M Aparicio^{3,5}, M Galván^{3,5}, G Mercado Cárdenas², J Galli⁴, M Martínez⁴, M Menéndez Sevillano³, M Toncovich^{1,4}.

¹Laboratório de Biotecnología EEA-Salta, ²Sanidad Vegetal EEA-Salta, ³Banco de Germoplasma EEA-Salta, ⁴Grupo tabaco y diversificación EEA-Salta, ⁵CONICET.

e-mail: martazgalvan@gmail.com

Dentro de la actividad agraria de la provincia de Salta, el cultivo de tabaco (*Nicotiana tabacum* L.), tiene una apreciable participación en la economía regional, tanto desde el punto de vista de la producción y exportaciones provinciales, como por su relevancia en la generación de empleo. El objetivo del trabajo fue conocer la variabilidad genética existente entre líneas de tabaco Virginia conservadas en el Banco de germoplasma del NOA

(BANO) y variedades comerciales para aportar nuevos materiales a los programas de mejoramiento. Se analizaron 5 entradas de Tabaco Virginia del BANO y 12 variedades comerciales de importancia para la región. La extracción de ADN se realizó empleando un protocolo de CTAB modificado a partir de hojas de plántulas de tabaco mantenidas en almácigo flotante. A partir del ADN extraído se realizó la amplificación mediante PCR empleando marcadores microsatélites distribuidos en todo el genoma de tabaco. Los productos de amplificación se visualizaron en geles de poliacrilamida 10% y se tiñeron con GelRed™. Se analizó un total de 24 *primers* de los cuales el 33% mostró polimorfismo entre las líneas y variedades. Con los patrones de bandas obtenidos se construyó un fenograma que permitió analizar la similitud genética entre los materiales.

 RRGG 4

ESTERILIDAD DE POLEN Y VARIABILIDAD MORFOLÓGICA EN UNA POBLACIÓN SILVESTRE DE PAPA DEL SE DE BS. AS.

Maune JF¹, EL Camadro¹. ¹EEA Balcarce, INTA-FCA, UNMdP y CONICET, C.C. 276, 7620 Balcarce, Buenos Aires.
e-mail: maune.juanfederico@balcarce.inta.gov.ar

Los estudios del comportamiento de poblaciones silvestres de papa (*Solanum* sect. Petota) en sus hábitats naturales son relevantes para el mejoramiento genético de la papa común (*S. tuberosum* L. spp. *tuberosum*). Los mismos se llevan a cabo, generalmente, con muestras de poblaciones naturales provistas por bancos de germoplasma (introducciones). Las poblaciones espontáneas pueden presentar variabilidad en ploidía, barreras a la hibridación (completas o incompletas) y modos de reproducción (sexual y asexual). En este marco, se estudió una población espontánea de papa silvestre, morfológicamente afín a *S. chacoense* Bitter pero variable en algunos caracteres morfológicos de planta y flor (que fueron registrados), que crecía como maleza en un lote de la EEA Balcarce, INTA. Mediante tinción con carmín acético, se analizó viabilidad del polen en 14 plantas, y meiosis y estadio de tétrada en tres de ellas. Para todas, la viabilidad del polen fue muy baja (< 25%), observándose distintas anomalías en el protoplasto (contraído, lobulado, granulado o ausente) y variabilidad en tamaño respecto al “*n*” esperado (“<*n*”, “*2n*” y “*4n*”). En el estadio de tétrada se observaron tríadas, tétradas normales y, mayormente, tétradas anormales,

y péntadas. En meiosis se observaron anomalías en metafase I (cromosomas adelantados o fuera de la placa), anafase I (cromosomas rezagados y puentes cromosómicos) y la disposición de los husos en anafase II. La conservación *ex situ* de frecuencias génicas representativas de poblaciones silvestres requiere de la consideración de aspectos reproductivos y no sólo de los morfológicos.

 RRGG 5

UTILIZACIÓN DE UN PANEL DE MICROSATÉLITES PARA ESTIMAR VARIABILIDAD GENÉTICA EN EL CERDO PAMPA ROCHA DE URUGUAY

Montenegro MC¹, S LLambi¹, V Landi², JV Delgado², G Castro¹, A Martínez². ¹Área Genética, Facultad de Veterinaria-Universidad de la República. Uruguay, ²Departamento de Genética-Universidad de Córdoba. España.
e-mail: silvia.llambi@gmail.com

Dentro de los recursos zoogenéticos locales en Uruguay se encuentran los cerdos Pampa Rocha (cerdos de coloración negra con 6 puntos blancos en las 4 patas, hocico y punta de cola). Si bien según la clasificación de FAO estos se encontrarían sin riesgo de extinción pero a preservar en los últimos años se constata un descenso del número de estos animales asociado a la disminución del número de pequeños productores de la región este del País. Una de las estrategias para la conservación de los recursos zoogenéticos es la caracterización genética de los mismos utilizando marcadores moleculares de ADN como los microsatélites (MS). En este trabajo se presentan resultados preliminares obtenidos del análisis de un panel de 25 microsatélites en una muestra de 39 cerdos Pampa Rocha. Se analizaron las frecuencias alélicas, heterocigosidad observada y esperada, contenido de información polimórfica (PIC), estadístico FIS y la prueba de Equilibrio Hardy Weinberg. Los valores de PIC oscilan entre 0.030 y 0.819 siendo el 68% de ellos altamente informativos. El FIS Multilocus fue de 0.04758. De los 25 MS analizados, el 12% no se encuentran en equilibrio de Hardy-Wienberg ($p < 0.01$). Mediante este panel de MS se detecta una alta variabilidad genética en los cerdos Pampa Rocha, siendo la misma de importancia en la implementación de un plan de conservación de este recurso zoogenético.

 RRGG 6

ORDENAMIENTO DE LOS RECURSOS

GENÉTICOS: DEFINICIÓN DE ZONAS GENÉTICAS EN BOSQUES DE *Nothofagus*

Azpilicueta MM¹, LA Gallo¹, M van Zonneveld², E Thomas², C Moreno¹, P Marchelli^{1,3}. ¹Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria, EEA Bariloche, Argentina, ²Bioversity International, Regional Office for the Americas, Cali, Colombia, ³Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas, Argentina.
e-mail: mmazpilicueta@bariloche.inta.gov.ar

La identificación de zonas conformadas por organismos genéticamente homogéneos constituye un primer acercamiento en la definición de unidades de manejo de una especie. Su determinación presenta valor de aplicación en la transferencia de germoplasma en acciones de reforestación y restauración en especies leñosas. Nuestro objetivo principal es la identificación de zonas genéticas en los Bosques Andino-Patagónicos de *Nothofagus nervosa* (Raulí) y *Nothofagus obliqua* (Roble Pellín) en Argentina. Para ello, un total de 823 individuos de 24 poblaciones (14 de *N. nervosa* y 10 de *N. obliqua*, $\mu = 34,29 \pm 5,02$) fueron genotipados por medio de siete loci microsatélites. La aplicación de un método de análisis Bayesiano permitió la identificación de cinco y cuatro zonas genéticas en *N. nervosa* y *N. obliqua*, respectivamente, consistentes con la historia de manejo y los linajes maternos determinados previamente a partir de su ADN de cloroplasto. El patrón de distribución de la riqueza alélica mostró relación con la historia glaciaria de las especies, con áreas más diversas en las zonas de localización de posibles refugios glaciares u origen del camino de colonización post-glacial. El análisis espacial permitió la confección de mapas con información geo-referenciada de los parámetros evaluados. Se espera que los conocimientos generados conformen una herramienta útil en la definición de zonas de transferencia de semilla y asistencia a la regeneración, así como también en los programas de domesticación que se llevan adelante en estas especies en Argentina.

RRGG 7

ANÁLISIS BIOGEOGRÁFICO DE LA VARIABILIDAD GENÉTICA DE *Eugenia uniflora*

Jolochin G¹, E Monteverde², P Speranza². ¹Departamento de Biología Vegetal, Laboratorio de Botánica y Departamento de Producción Forestal y Tecnología de la Madera, Dendrología – UdelaR, ²Departamento de Biología Vegetal, Laboratorio de Genética - UdelaR.
e-mail: gjolochin@gmail.com

El conocimiento de la estructuración geográfica de la variabilidad genética es esencial para la utilización y la conservación *in situ* de los recursos fitogenéticos. Las áreas de refugio de vegetación y estructuración de la variabilidad genética se habrían generado debido a los cambios climáticos del Cuaternario. En Uruguay estas áreas se encuentran en las serranías del Este y en el norte de la Cuchilla de Haedo, coincidentemente con los *hot spots* en la biogeografía florística propuesta para el país. En este trabajo se analiza la estructura poblacional y biogeográfica de *Eugenia uniflora* cuyo rango de distribución comprende los *hot spots* propuestos y ha sido estudiada en zonas adyacentes, y considerada un indicador para estimar la degradación de áreas naturales. Para ello se analizó la estructura de la variabilidad genética utilizando marcadores moleculares citoplasmáticos mediante la técnica de PCR-RFLP. Se encontraron tres haplotipos para el espaciador cloroplástico *psbA-trnH* digerido con la enzima de restricción Taq a1. Los fragmentos obtenidos constan de ca. 460 pb y la enzima Taq a1 produce tres sitios de corte de longitudes variables. Los individuos de cada población muestran uno o varios haplotipos. Se observa una marcada estructuración entre las poblaciones del noroeste del país y el resto coincidente con trabajos en otras especies. La determinación de patrones biogeográficos permitirá establecer correspondencias con las hipótesis sobre las áreas de refugio encontradas para otras especies, contribuyendo a futuros trabajos vinculados al mejoramiento genético.

RRGG 8

PERFILES FENOTÍPICOS Y GENÉTICOS DE UNA COLECCIÓN DE TOMATES CRIOLLOS DE ARGENTINA

Asprelli PD^{1,2}, M Robbins⁴, S Sim⁴, SM García Lampasona^{1,2}, DM Francis⁴, IE Peralta^{1,3}. ¹EEA La Consulta INTA, La Consulta, Mendoza, Argentina, ²Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Cuyo, Chacras de Coria, Mendoza, Argentina, ³CONICET, CIC-IADIZA, Mendoza, Argentina, ⁴Ohio Agricultural Research and Development Center, The Ohio State University, Wooster, Ohio, United States of America.
e-mail: pasprelli@laconsulta.inta.gov.ar

Los productores tradicionales de los valles andinos de Argentina mantienen variedades criollas de tomate adaptadas a condiciones culturales y ambientales particulares. Los objetivos fueron evaluar la diversidad de una colección de tomates y estimar las relaciones entre las entradas a través de información

fenotípica, geográfica y de marcadores de ADN. Se evaluaron 68 entradas de tomate, incluyendo materiales de colecta en los valles andinos de Argentina, donaciones de productores tradicionales, variedades nacionales y cultivares comerciales. Se analizaron 31 variables cuantitativas y 13 cualitativas mediante análisis uni y multivariados. Se obtuvieron los perfiles moleculares a partir de 34 marcadores SSR y 11 INDEL. Se estimaron parámetros poblacionales mediante el programa Structure v2.3.3 asumiendo frecuencias alélicas correlacionadas y genotipos de ancestría mezclada. El análisis de las variables morfológicas, agronómicas y de calidad permitió conformar cinco grupos diferenciales de tomates, cuantificar la variabilidad genética total, identificar asociaciones entre caracteres y casos particulares de expresión fenotípica. A partir de los perfiles moleculares se obtuvieron siete grupos genéticos. Las frecuencias alélicas actuales y ancestrales mostraron diferentes patrones de fijación de alelos y la presencia continua de individuos genéticamente puros. Diferentes eventos de migración, entremezcla y selección generaron constituciones genéticas únicas. Los perfiles fenotípicos y genotípicos mostraron gran consistencia en la asignación de entradas a los grupos conformados.

RRGG 9

INTERACCIONES GENOTIPO-AMBIENTE EN EL CRECIMIENTO Y SUPERVIVENCIA DE *Argopecten purpuratus*

Figueroa E¹, KB Brokordt², FW Winkler^{1,2}. ¹Departamento de Biología Marina, Facultad de Ciencias del Mar. Universidad Católica del Norte. Coquimbo, Chile, ²Centro de Estudios Avanzados en Zonas Áridas. Coquimbo, Chile.
e-mail: emiliofigueroarojas@gmail.com

Argopecten purpuratus es una especie de importancia para la acuicultura del norte de Chile. La variación en el crecimiento de esta especie depende de factores ambientales y hereditarios. Sin embargo se desconoce si dicha variación es afectada por interacciones entre el genotipo y el ambiente. En el presente trabajo muestras de 9 familias de hermanos completos de 6 meses de edad (200 ejemplares por familia), fueron marcados individualmente y cultivados en Bahía Inglesa (27°07' Lat.S) y Bahía Tongoy (30°16' Lat.S). En cada localidad los individuos fueron distribuidos equitativamente en dos zonas, a dos profundidades en cada una de ellas. La talla y la mortalidad se midieron a los 3 y 6 meses de cultivo. Los datos de crecimiento se

analizaron por el método de efectos principales aditivos y de interacción multiplicativa (AMMI), y la supervivencia mediante tablas de contingencia. Se observaron efectos significativos de la localidad y la familia sobre el crecimiento ($p < 0.05$), pero no de la profundidad ($p > 0.05$). Asimismo, se detectaron interacciones de familia por localidad ($p < 0.05$), pero no entre los otros factores ($p > 0.05$). De las 9 familias analizadas, 3 presentaron desempeño positivo sin cambio de rango. La supervivencia fue afectada principalmente por la profundidad, obteniéndose las mayores diferencias en Bahía Inglesa. Los resultados muestran efectos de la localidad e interacciones genotipo-ambiente vinculados a éstas para el crecimiento, así como efectos distintos de la profundidad sobre la supervivencia, probablemente asociados al grado de estratificación oceanográfica.

RRGG 10

VARIAÇÃO GENÉTICA QUANTITATIVA E MOLECULAR ENTRE VARIEDADES BOTÂNICAS E ENTRE SUBPOPULAÇÕES DE *Hancornia speciosa* GOMES

Chaves LJ¹, Devós Ganga RM¹, Leite Rodrigues AJ². ¹Universidade Federal de Goiás, Brasil. ²Universidade Estadual de Goiás, Brasil.
e-mail: lazaro.chaves@pq.cnpq.br

O conhecimento da estrutura da variação genética em populações naturais é crucial para o delineamento de estratégias para conservação de recursos genéticos *in situ* ou *ex situ*. O presente trabalho teve como objetivo comparar a variação genética quantitativa e molecular entre variedades botânicas e entre populações de mangabeira (*Hancornia speciosa* Gomes), inferindo sobre a possível ação da seleção natural sobre caracteres quantitativos. *H. speciosa* é uma espécie frutífera com ocorrência natural no Cerrado brasileiro e com grande potencial para uso em sistemas de cultivo. Dados relativos ao crescimento em altura e diâmetro foram obtidos em experimento de avaliação de progênies de 29 subpopulações de quatro variedades botânicas, em condições de viveiro e campo. Paralelamente uma amostra das progênies foi caracterizada geneticamente utilizando seis marcadores SSR desenvolvidos para a espécie. A avaliação da estrutura genética foi feita comparando-se parâmetros de diferenciação molecular e quantitativa entre variedades (F_{RT} vs Q_{RT}) e entre populações dentro de variedades (F_{SR} vs Q_{SR}). Os resultados mostraram uma maior divergência quantitativa entre variedades botânicas comparada



com a divergência molecular. A divergência entre subpopulações dentro de variedades foi semelhante para os dois tipos de marcadores. Estes resultados mostram um importante papel da seleção natural na variação entre variedades botânicas em uma escala geográfica regional. Já o padrão de variação entre populações em uma escala intrarregional pode ser explicado pela ação preponderante da deriva genética.

RRGG 11

VARIABILIDAD MORFOLÓGICA Y REPRODUCTIVA EN POBLACIONES SILVESTRES DE PAPA DEL NOROESTE ARGENTINO

Erazzú LE^{1,2}, A Pastoriza², EL Camadro³. ¹EEA Famaillá, INTA, R.P.301 km 32, 4132 Famaillá, Tucumán, ²FAZ, UNT, Tucumán, ³EEA Balcarce, INTA, FCA-UNMdP, CONICET, RN226, km 73,5, 7620 Balcarce, Buenos Aires.
e-mail: lerazzu@correo.inta.gov.ar

La papa común, *Solanum tuberosum* ssp. *tuberosum*, tiene aproximadamente 200 especies silvestres emparentadas (definidas por fenotipos morfológicos), de valor para el mejoramiento genético. En el grupo, la diferenciación genómica es escasa y las barreras a la hibridación pueden ser tanto completas como incompletas. *S. chacoense* Bitter (chc, 2n=2x=24) es una de estas especies de amplia distribución geográfica en la Argentina. En Jujuy se encontró una población de chc creciendo en simpatria con otra especie silvestre, *S. microdontum* Bitter (mcd, 2n=2x=24), mientras que en Tucumán se identificó una población de chc aislada. Para caracterizar dichas poblaciones, en 10 plantas/población se midieron 31 caracteres morfológicos *in situ* y en laboratorio, se estimó la viabilidad de polen por tinción y se analizó la meiosis. Se realizaron cruzamientos dirigidos entre plantas de chc y mcd de Jujuy. Los datos se procesaron con el programa Infostat. Se observaron diferencias morfológicas entre las poblaciones de chc de Tucumán y Jujuy y dentro de cada población; además, se observó variabilidad en tamaño del polen (<n, n y 2n) y viabilidad del mismo en plantas individuales (55-97%), y configuraciones anormales en meiosis (cromosomas rezagados, tétradas irregulares). En una combinación de genotipos simpátricos de chc y mcd obtenida por polinización controlada, se observó compatibilidad polen-estilo. Se especula sobre la posibilidad de que las poblaciones simpátricas de

chc y mcd contengan plantas de origen híbrido como resultado de flujo génico entre ellas.

RRGG 12

IDENTIFICACIÓN DE MARCADORES POLIMÓRFICOS PARA MAPEO DE GENES DE RESISTENCIA EN POROTOS SILVESTRES

Aparicio M^{1,3}, D Cuellar², M Galván^{1,3}, M Ferreyra¹, M Menéndez Sevillano¹. ¹Banco de germoplasma EEA-Salta, ²Laboratório de Biotecnología EEA-Salta, 3CONICET.
e-mail: martazgalvan@gmail.com

La mancha angular del poroto (MA) se encuentra entre las enfermedades endémicas de mayor impacto en el Noroeste Argentino. La incorporación de resistencia en las variedades comerciales utilizando la variabilidad contenida en las variedades silvestres es una herramienta importante para aumentar la producción en el marco de un desarrollo agropecuario sustentable. A partir de la identificación de una variedad silvestre (BANOA77) resistente a MA se realizaron cruzamientos con cultivares comerciales tipo Alubia susceptibles, para detectar y localizar el o los genes involucrado/s en la resistencia y aportar conocimientos y herramientas a los programas de mejoramiento. El objetivo del trabajo fue identificar marcadores moleculares que muestren polimorfismo entre los progenitores para su posterior uso en el mapeo de genes de resistencia. Se analizaron los parentales de los cruzamientos silvestre x cv. Perla y silvestre x cv. Paloma. La extracción de ADN se realizó empleando un protocolo de CTAB modificado a partir de hojas de plántulas de 10 días mantenidas en invernáculo. A partir del ADN extraído se realizó la amplificación mediante PCR empleando marcadores RGA, SSR y EST-SSR distribuidos a intervalos constantes en todo el genoma de poroto. Los productos de amplificación se visualizaron en geles de poliacrilamida 10% y se tiñeron con GelRed™. Del total de *primers* analizados el 53% mostró polimorfismo entre Perla y BANOA 77; y el 42% entre Paloma y BANOA 77 los cuales serán utilizados para el genotipado de las poblaciones segregantes.

RRGG 13

CONSERVACIÓN DE ALPACAS DE COLOR EN PUNO-PERÚ ANALIZANDO LA DIVERSIDAD DEL ADN MITOCONDRIAL

HV-1

Vallejo AR¹, DV Cerna², B Lizárraga², GC Iannacone³.

¹Subdirección de Recursos Genéticos y Biotecnología (SUDIRGEB), Instituto Nacional de Innovación Agraria (INIA) PERÚ, ²Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos. UNMSM - PERÚ, ³Laboratorio de Biología Molecular y Genética - Instituto de Medicina Legal - PERÚ.

e-mail: avallejo@inia.gob.pe

Las alpacas son fuente de fibra, carne y otros subproductos, siendo así una especie importante para la subsistencia de poblaciones altoandinas. Sin embargo, los esfuerzos de conservación, manejo y mejoramiento genético no han avanzado más allá del logrado por las técnicas tradicionales empleadas por las comunidades campesinas. El presente trabajo analiza la diversidad genética de las poblaciones de alpacas de color, con la finalidad de identificar zonas importantes para la conservación debido a su riqueza genética, y para proveer a los alpaqueros de la región de una herramienta útil para identificar zonas en donde adquirir reproductores que permitan hacer un refrescamiento genético en sus rebaños y así evitar la consanguinidad producto del manejo. Se estudió la región control (Dominio Hipervariable I) del ADN mitocondrial analizando 425 secuencias de 513–514 pb de individuos de 50 diferentes rebaños. Se identificaron 43 haplotipos con 41 sitios polimórficos, una diversidad genética $h \pm SD$ de $0,999 \pm 0,005$ y una diversidad nucleotídica $\pi \pm SD$ de $0,33741 \pm 0,023$. Los resultados obtenidos, demuestran que la mayor variación genética de ADNmt de alpacas en el Perú se encuentra concentrada en la región de Puno en comparación a resultados obtenidos en estudios recientes (Marín 2007, 2008; Barreta, 2012). Además, se identificó la provincia de Mazocruz al sur de Puno como una fuente importante de diversidad. Esto, recalca la importancia de continuar con los esfuerzos para fortalecer las actividades de conservación en la región.