

DIVERSIDAD HAPLOTÍPICA DE *Macrocystis pyrifera* (PHAEOPHYCEAE: LAMINARIALES) EN LA COSTA CENTRO Y SUR DEL PERÚ

Salavarría Erika ^{1,2}, Macaya Erasmo ³ y Gil-Kodaka Patricia ⁴

¹ Secretaría Nacional de Educación Superior Ciencia, Tecnología e Innovación (SENESCYT); ² Universidad Estatal Península de Santa Elena, Ecuador;

³ Departamento de Oceanografía, Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas, Universidad de Concepción, Chile; ⁴ Facultad de Pesquería, Universidad Nacional Agraria La Molina, Perú.
erikasalavarría@hotmail.com

La creciente demanda de algas en Perú, debido principalmente a su utilización como fuente de ficoloides y posterior exportación a mercados internacionales, ha provocado un aumento en la extracción directa y la obtención de algas varadas, lo cual ha conllevado la reglamentación de la actividad extractiva por parte de Regulaciones Ministeriales. Una de las especies con mayores niveles de aprovechamiento corresponde al alga parda *Macrocystis pyrifera*, de la cual existen diversos trabajos sobre descripción morfológica, distribución geográfica y usos en el Perú; no obstante, las investigaciones sobre su estructura y diversidad genética son escasas. Un estudio reciente realizado a lo largo de la costa sudeste del Pacífico, determinó que *Macrocystis* posee baja variabilidad genética. Sin embargo esa investigación también reportó dos localidades del Perú: Atico y Paracas, que presentan un patrón genético distinto y haplotipos únicos. Consecuentemente, este trabajo tuvo como objetivo analizar la variabilidad genética de *Macrocystis pyrifera*, mediante marcadores mitocondriales: atp8-S y COI, en 8 localidades cubriendo un área aproximada de 2500 km, de la zona centro y sur del Perú (S12° a S16°), comparando la estructura genética obtenida con la reportada en la costa Sudamericana. Los resultados de 57 secuencias analizadas, 32 del ecomorfo *M. pyrifera* y 25 del ecomorfo *M. integrifolia*, empleando atp8-S presentaron baja diversidad haplotípica entre $H_e = 0,500 - 0,528$ y nucleotídica $p = 0,00388 - 0,00458$. La distancia genética promedio fue de 0,008 revelando similitud entre las poblaciones estudiadas. El análisis de distribuciones pareadas presenta una distribución unimodal y un número de diferencias pareadas (k) igual a 0,591 y 0,500 respectivamente para cada ecomorfo y sugiere una expansión poblacional reciente seguida de un cuello de botella. Se encontró 4 haplotipos: un haplotipo ancestral (Mpyr1) en el centro del Perú, reportado también en el centro de Chile, un haplotipo compartido entre las poblaciones del sur del Perú y los reportados al norte de Chile (Mpyr4), dos nuevos haplotipos (Mpyr2, Mpyr3) en las localidades de Callao y San Juan de Marcona. Con el marcador mitocondrial COI se logró amplificar solo 15 individuos, pero la calidad de las secuencias no permitió continuar con los análisis. Finalmente, la presencia de dos ecomorfos de *Macrocystis* (*integrifolia* y *pyrifera*) y los nuevos haplotipos podría obedecer a una respuesta adaptativa a las condiciones ambientales específicas del Sistema de Corrientes Humboldt, caracterizado por centros de afloramientos costeros; esta variación adaptativa permitirá seleccionar los espacios para cultivos y aplicación de estrategias para el uso sostenible de *Macrocystis* en Perú.

Palabras clave: ADN mitocondrial, diversidad genética, haplotipos, *Macrocystis*, Pacífico Sudeste.

X Congreso de Ficología de Latinoamérica y El Caribe. VIII Reunión Iberoamericana de Ficología
5-10 de octubre de 2014 – Metepec - México