



PAPA ECO MAP

METODOLOGIA DE ANALISIS ESPACIAL PARA APOYAR LA TOMA DE DECISIONES SOBRE LA POSIBLE LIBERACION DE ORGANISMOS GENETICAMENTE MODIFICADOS EN EL CULTIVO DE PAPA EN EL PERU

Fabiola Guzmán; Henry Juárez. Geographic Information Systems. Integrated IT & Computational Research. Centro Internacional de la Papa – CIP, Lima, Perú.

INTRODUCCION

La mayor diversidad en papas nativas y sus parientes silvestres se encuentra en la zona andina del Perú. En el país no está permitida la siembra de Organismos Genéticamente Modificados (OGM). La introducción de OGM en la región andina genera preocupación sobre el posible impacto negativo en la diversidad biológica y cultural ésta última relacionada con los conocimientos ancestrales de las comunidades nativas.

Perú desde el año 2004 es parte del Protocolo de Cartagena sobre Seguridad de la Biotecnología del Convenio de la Diversidad Biológica, adoptándola mediante la Ley N°27104 (Ley de Prevención de riesgos derivados del uso de la biotecnología) y reglamentada mediante DS N°108-2002-PCM, dando pie al establecimiento de la Política Nacional del Ambiente en materia de Bioseguridad, para luego ser incluida dentro de los lineamientos de la Política Nacional Ambiental (DS N°012-2009-MINAM).

En el caso específico del cultivo de papa, mucho se sabe acerca de su fertilidad, la compatibilidad sexual con sus parientes silvestres. Experimentalmente, se pueden obtener cruces inter-específicos e intra-específicos, y está bien documentado que las variedades nativas son el producto de tales hibridaciones naturales (Jackson, *et al.*, 1999; Celis *et al.*, 2004; Scurrah *et al.*, 2008). Para que se produzca este evento, se debe superar diversas barreras que pueden tener origen natural (polinización abierta, formación de bayas, producción de semillas verdaderas, germinación espontánea, establecimiento exitoso y la producción del tubérculo) (Torres Soto, 2006; Salas & Roca, 2005) o que dependa de la intervención del agricultor, siendo esta la barrera principal, ya que en base a su juicio este híbrido se logrará establecer o será eliminada. (Salas & Roca, 2005, Scurrah *et al.*, 2008).

La definición de probabilidad de flujo de genes involucra el conocimiento no solo de simpatria entre especies sino también variables físicas, biológicas y antropológicas que intervienen en el proceso. Mientras más información científica se encuentre disponible, los modelos caso-específicos podrán ser más robustos para la toma de decisiones informadas. Por tal motivo este estudio tuvo la finalidad de desarrollar metodologías que permitieran identificar las zonas de producción de papa donde haya probabilidad de ocurrencia de flujo génico desde variedades mejoradas hacia las especies nativas y silvestres.

APLICATIVO DE CONSULTA

La mayor diversidad en papas nativas y sus parientes silvestres se encuentra en la zona andina del Perú. En el país no está permitida la siembra de Organismos Genéticamente Modificados (OGM). La introducción de OGM en la región andina genera preocupación sobre el posible impacto negativo en la diversidad biológica y cultural ésta última relacionada con los conocimientos ancestrales de las comunidades nativas. Por tal motivo este estudio tuvo la finalidad de desarrollar metodologías que permitieran identificar las zonas de producción de papa donde haya probabilidad de ocurrencia de flujo génico desde variedades mejoradas hacia las especies nativas y silvestres.

Metodología 1: Sobreposición de mapas

Esta metodología se basa en la sobreposición de mapas para determinar las zonas de distribución potencial de las especies nativas cultivadas y de sus parientes silvestres; analizar la riqueza específica de dichas especies y finalmente determinar las zonas de exclusividad de producción de variedades comerciales. Esta metodología permite delimitar las zonas de alta agrobiodiversidad y aquellas en donde no hay presencia de especies nativas o silvestres, y por lo tanto no se espera que se produzca ningún evento de flujo de genes (Figuras 1 y 2).

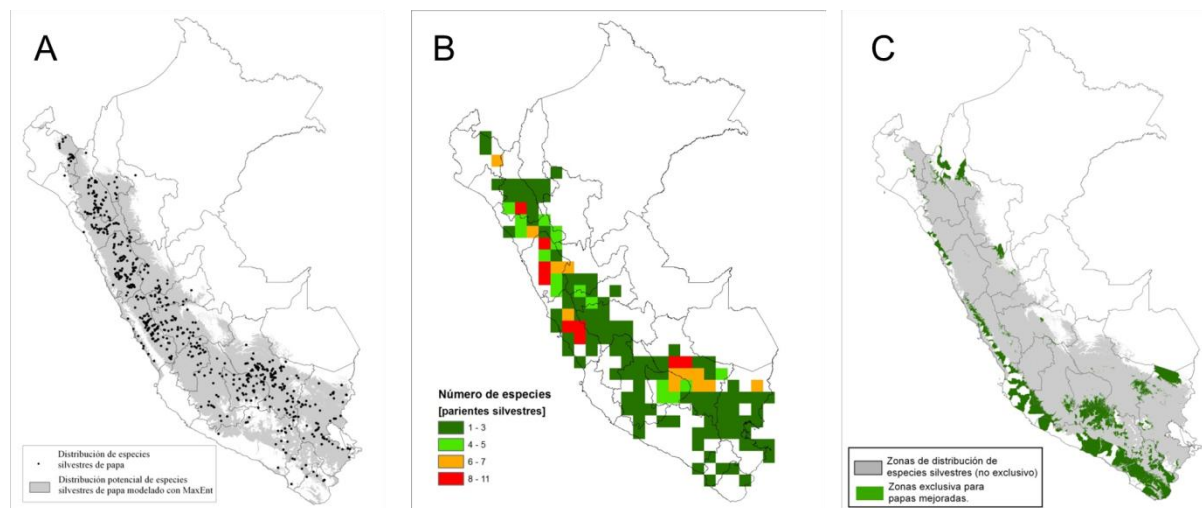


Figura 1. Distribución actual y potencial de parientes silvestres de papa (A), análisis de riqueza en número de especies (B), y zonas exclusivas de producción de variedades mejoradas (en verde) donde no hay presencia de parientes silvestres de papa (C).

Tabla 2. Cruzabilidad entre especies nativas cultivadas y variedades comerciales de amplia distribución “Yungay” y “Canchán” (Rabinowitz, 1990; Salas y Roca, 2005; Scurrah et al. 2008).

Variedad mejorada comercial (♀ ó ♂)	Especies Nativa cultivada (♂) (Grupo Tuberosa o Chilatonum)					Especies Nativa cultivada (♀) (Grupo Tuberosa o Chilatonum)				
	<i>S. tuberosum</i> subsp. <i>andigena</i>	<i>S. x curtilobum</i>	<i>S. goniocalyx</i>	<i>S. stenotomum</i>	<i>S. phureja</i>	<i>S. tuberosum</i> subsp. <i>andigena</i>	<i>S. x curtilobum</i>	<i>S. goniocalyx</i>	<i>S. stenotomum</i>	<i>S. phureja</i>
Yungay	Si	Si	Si	Si	Si	No hay información	No hay información	No hay información	No hay información	No hay información
Canchan	No	No	No	No	No	No	No	No	No	No

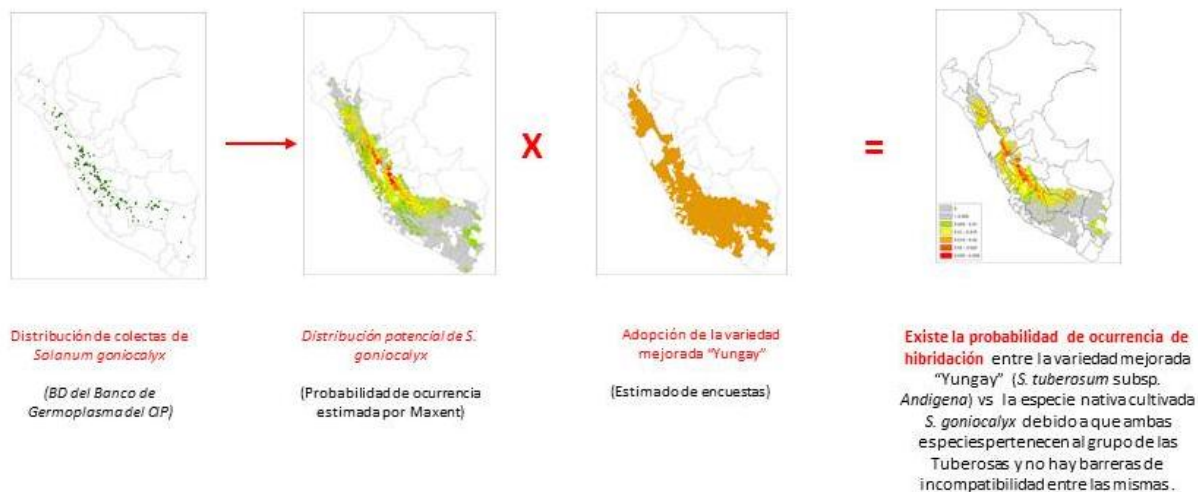


Figura 3: Modelo de probabilidad de flujo de genes de la variedad comercial “Yungay” (*Solanum tuberosum* spp. *tuberosum* x spp. *andigena*) hacia la especie nativa cultivada *S. goniocalyx*. Fuente: Propia

CONCLUSIONES

Cuando no existe información científica sobre cruzabilidad y factores que condicionan el flujo génico entre especies, se puede optar por delimitar las zonas de agro biodiversidad para su exclusión. Mientras más información científica se encuentre disponible, los modelos caso-específicos podrán ser más robustos. Aunque en esta metodología no se pudieron integrar factores sobre viabilidad de la semilla, supervivencia y adopción del nuevo híbrido por parte del agricultor, ambos métodos pueden ser útiles para ayudar en la toma de decisiones informadas.

PAPA-ECO MAP es una herramienta desarrollada por el Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT) mediante la cual la información anteriormente descrita ha sido colocada en el Sitio Web del Proyecto LAC-Biosafety.

BIBLIOGRAFIA

1. Celis C., Scurrah M., Cowgill S. et al., 2004. Environmental biosafety and transgenic potato in a centre of diversity for this crop. 432, 222-225.
2. Hijmans, R.J., S.E. Cameron, J.L. Parra, P.G. Jones and A. Jarvis, 2005. Very high resolution interpolated climate surfaces for global land areas. *International Journal of Climatology* 25: 1965-1978.
3. Jackson S.A., Hanneman R.E.J., 1999. Crossability among cultivated and wild tuber and non-tuber-bearing Solanums. *Euphytica* 109, 51-67.
4. Phillips S, Anderson R, Schapire R, 2006. Maximum entropy modeling of species geographic distributions. *Ecological Modelling* N° 190, pp 231–59.
5. Rabinowitz D., Linder C.R., Ortega R., et al., 1990. High levels of interspecific hybridisation between *Solanum sparsipilum* and *S. stenotomum* in experimental plots in the Andes. *American Potato Journal* 67, 73-81.
6. Salas A., Roca, W., 2005. Magnitud e impacto potencial de la liberación de organismos genéticamente modificados y sus productos comerciales. Caso: Papa. In. Magnitud e impacto potencial de la liberación de organismos genéticamente modificados y sus productos comerciales. Casos: Algodón, Leguminosas de grano, Maíz y Papa. Lima: Consejo Nacional del Ambiente - CONAM.
7. Scurrah, M., Celis, C., Chumbiauca, S., Salas, A., and Visser, R., 2008. Hybridization between wild and cultivated potato species in the Peruvian Andes and biosafety implications for deployment of GM potatoes. *Euphytica* 164, 881–92.
8. Torres Soto Y, 2006. Determinación del Nivel de Ploidía de Híbridos Interespecíficos de *Solanum*. Lima: Universidad Nacional Agraria La Molina, Biólogo.