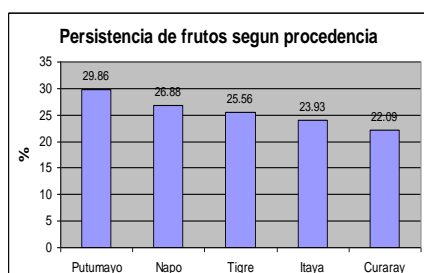


Se cuenta con material selecto procedente de colecciones básicas y pruebas genéticas del CESM. En la colección 5 cuencas se cuenta con tres plantas selectas por rendimiento de fruta: NY0805 (Napo-Yuracyacu), NY0518 (Napo-Yuracyacu) y TT0725.

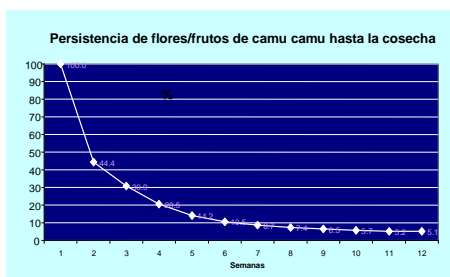
Estudio comparativo sobre caída de frutos en germoplasma de camu-camu-Cooperación Técnica IIAP - FINCYT

Página | 49

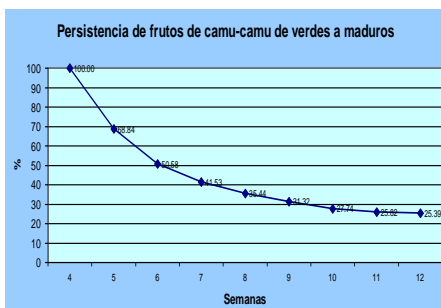
Mario Pinedo y Sonia Farro



La caída de frutos en camu-camu constituye uno de los principales problemas a resolver. Ante la falta de información específica sobre éste factor limitante, se ha considerado prioritario iniciar una evaluación genérica de los factores o causas de la caída. En la colección “Cinco Cuencas” se evaluó la caída de frutos en 25 plantas de las cuencas Putumayo, Napo, Curaray, Tigre e Itaya. Los conteos de flores/frutos se efectuaron semanalmente durante 12 semanas, tiempo promedio que dura la fenología reproductiva.



Se encontró que respecto al factor genético (procedencia), la cuenca del río Putumayo destacó por su mayor retención de fruta (29%), es decir que de 100 frutos cuajados 29 llegaron hasta la maduración o cosecha. En contraste, las plantas del río Curaray mostraron la menor capacidad para retener la fruta (22%). El mayor porcentaje de caída ocurre en las tres primeras semanas de la fructificación, es decir cuando el fruto es todavía verde pequeño.



La evaluación de la persistencia a nivel de floración muestra que el 5.1% de las flores formadas y el 25% de los frutos cuajados llegan a la cosecha.

Respecto a las causas de la caída de la fruta, las plagas observadas son causantes del 9% de la caída, de las cuales la principal es el chinche Edessa. El 91% se debe a otras causas no determinadas tales como fisiológicas-nutritivas, vientos, lluvias. La fase crítica de caída (flores y frutos) ocurre en las primeras 7 semanas del proceso reproductivo. En las tres primeras semanas ocurre el mayor nivel de caída de flores y en las cuatro subsiguientes acontece la mayor caída de frutos (al estado verde pequeño).

Solo el 5% de las flores formadas llegan a ser frutos cosechados, y el 25.39% de los frutos cuajados alcanzar a ser cosechados. El 91% de la caída de los frutos se debe a factores fisiológicos, climáticos, genéticos, etc., mientras que el 9 % se debe a dos plagas: chinche *Odessa* y gorgojo *Conotrachelus*.



Identificación de árboles plus de castaña y avances en la evaluación de la variabilidad genética mediante marcadores moleculares en Madre de Dios

Cooperación Técnica IIAP - INCAGRO

Ronald Corvera, Carmen García y Evelyn Reátegui.

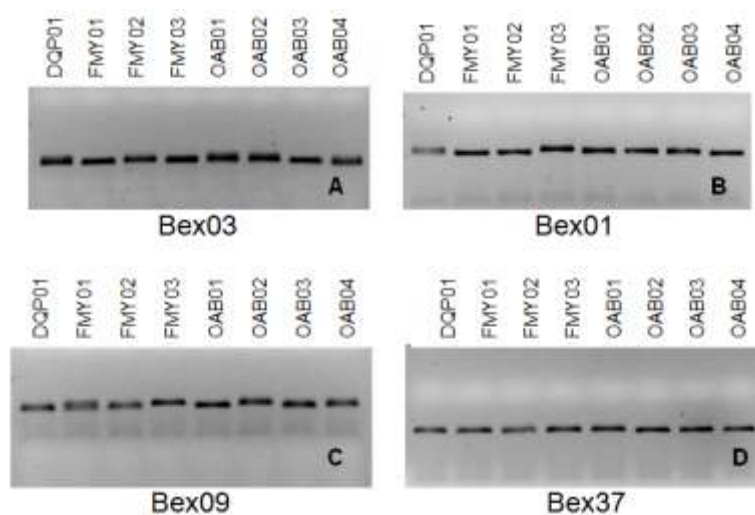
Página | 50

La castaña (*Bertholletia excelsa*) es una de las especies forestales más importantes del sistema extractivista en la Amazonía suramericana, generando divisas por la exportación de sus nueces.

Intensificación de los estudios de identificación y selección de germoplasma de castaña de alta calidad con el propósito de ampliar la base genética con clones selectos que garantice la propagación de la especie con individuos mejorados genéticamente. Se cuenta con 170 árboles plus seleccionados de siete diferentes poblaciones naturales localizadas dentro de la cuenca del río Madre de Dios y abarcan las provincias de Tambopata y Tahuamanú.

El trabajo de selección de árboles se realizó con participación activa de los concesionarios castañeros durante la zafra 2008-2009, lo que permitió consolidar fichas técnicas para cada árbol en la que se consideran aspectos como: Información general de la concesión y georeferenciación, características fenotípicas, evaluación de productividad, fenología productiva, características de frutos (cocos) y almendras (semillas), caracterización físico-química de los suelos y vegetación asociada a las poblaciones naturales.

El estudio de variabilidad genética de la castaña se está ejecutando en los laboratorios de biología y genética molecular del IIAP-Iquitos. Se cuenta con la extracción del ADN de 89 árboles plus de castaña, con la optimización del protocolo y amplificación de ADN vía PCR con seis marcadores microsatélites (Bex01, Bex03, Bex09, Bex22, Bex30, Bex37) y se determinó la temperatura de hibridación, concentraciones de reactivos y ADN para cada uno de los microsatélites estudiados.



Genes mostrando el ADN amplificado en cada uno de los microsatélites estudiados