



PERÚ

Ministerio
de Agricultura y Riego

SERFOR
Servicio
Nacional
Forestal y
de Fauna
Silvestre

“Decenio de la Igualdad de Oportunidades para Mujeres y Hombres”
“Año de la lucha contra la corrupción e impunidad”

ANEXO

RESUMEN DE LA SOLICITUD PRESENTADA PARA SUSCRIPCIÓN DE CONTRATO PARA EL ACCESO A LOS RECURSOS GENÉTICOS

La Dirección de Gestión Sostenible del Patrimonio de Fauna Silvestre del SERFOR, pone en conocimiento del público en general, que se ha recibido la solicitud para la suscripción de contrato para el acceso a los recursos genéticos, para la ejecución del proyecto de investigación científica: “Caracterización genética de tortugas Taricaya (*Podocnemis unifilis*): una herramienta potencial para el control del comercio legal”.

Solicitante: Señora Miryam Jeanette Quevedo Urday, investigadora de la Facultad de Medicina Veterinaria de la Universidad Nacional Mayor de San Marcos, en Lima, identificada con D.N.I. N° 40064320, con domicilio legal en Paseo de la República 4183, distrito de Surquillo, provincia y departamento de Lima. Investigadora responsable del proyecto de investigación.

N° de autorización de obtención del material biológico: Resolución Jefatural de la Reserva Nacional Pacaya Samiria N° 040-2018-SERNANP-JEF (09.11.2018).

Objetivos del Proyecto:

General: Conocer la diversidad genética de tortugas Taricaya (*Podocnemis unifilis*) en las áreas destinadas al manejo comunitario dentro de la Reserva Nacional Pacaya Samiria, en Loreto.

Específicos: **i)** Describir los haplotipos presentes en las tres cuencas de la RNPS: cuenca Pacaya, cuenca Samiria y cuenca Yanayacu-Pucate, **ii)** Comparar los haplotipos presentes entre las tres cuencas de la RNPS: cuenca Pacaya, cuenca Samiria y cuenca Yanayacu-Pucate, y **iii)** Realizar un análisis filogeográfico de la población de tortugas Taricaya (*Podocnemis unifilis*) en las áreas destinadas al manejo comunitario dentro de la RNPS.

Materiales y métodos:

Consistirá en las siguientes etapas: 1) Extracción del ADN, 2) Amplificación de la región D-loop del ADN mitocondrial, 3) Secuenciamiento de los productos obtenidos por PCR y 4) Análisis de datos. Los cromatogramas obtenidos del secuenciador serán verificados en el software FinchTV versión 1.4.0. (Geospiza, USA) y editados manualmente usando dos softwares: BioEdit versión 7.1.3.0 (NCSU, USA) y BLASTn (NIH, USA).

Identificación de riesgos e implicancias del acceso:

No hay riesgos en el proyecto, toda vez que éste constituirá un aporte científico de referencia para incrementar el conocimiento de especies de fauna silvestre en las áreas naturales protegidas que comprende el estudio.

Se publica el presente aviso de conformidad con el artículo 28° de la Decisión 391, Régimen Común sobre Acceso a Recursos Genéticos, aprobado por la Comunidad Andina - CAN.