

ESCUELA POLITECNICA DEL EJÉRCITO

**DEPARTAMENTO DE CIENCIAS DE LA VIDA
INGENIERIA EN BIOTECNOLOGIA**

**CARACTERIZACION MOLECULAR DE LA
COLECCION NACIONAL DE CAMOTE (*Ipomoea
spp.*) DEL BANCO NACIONAL DE GERMOPLASMA
DEL INIAP MEDIANTE MARCADORES
MICROSATELITES**

Previa a la obtención de Grado Académico o Título de:

INGENIERA EN BIOTECNOLOGIA

ELABORADO POR:

MARIA GABRIELA BASANTES LASSO

SANGOLQUI, 11 de Enero del 2012

RESUMEN

El camote (*Ipomoea batatas* L) es una de las raíces más importantes para el consumo humano a nivel mundial, por su alto contenido de calorías, vitaminas y minerales. Al mismo tiempo, las especies silvestres del género *Ipomoea* poseen características altamente deseables para la obtención de variedades comerciales que respondan a los requerimientos agronómicos de los agricultores.

El estudio molecular de especies cultivadas de camote y silvestres, permitirá evaluar los recursos genéticos disponibles, con fines de sustentar un programa de mejoramiento y conservación del germoplasma. En la presente investigación se caracterizó molecularmente 89 accesiones que incluyen especies cultivadas de camote y silvestres pertenecientes al Banco Nacional de Germoplasma del INIAP, mediante 8 iniciadores microsatélites marcados con fluorescencia mediante la técnica M13-Tailing. Se extrajo el ADN de las accesiones, se amplificaron los SSRs mediante PCR y se genotiparon en el analizador de ADN LI-COR 4300.

Se detectaron 68 alelos en toda la población analizada con un promedio de 8.5 alelos/marcador, además se encontró una alta diversidad genética de 0.7050 y una heterocigosidad observada de 0.3104. Los métodos UPGMA, NJ y el Análisis de Coordenadas Principales revelaron la existencia de 2 grupos genéticos de camote cultivado y un silvestre. En promedio, para cada grupo se observó un índice de diversidad de Nei de 0.107. El análisis AMOVA mostró que la varianza genética se distribuye en mayor proporción dentro de cada población (74%). Adicionalmente, se efectuó una asignación genética utilizando el método Bayesiano para confirmar la pertenencia de cada genotipo a una de las 3 poblaciones analizadas.

ABSTRACT

The sweet potato (*Ipomoea batatas* L) is one of the most important worldwide root for human consumption due to its high concentration of calories, vitamins and minerals. At the same time, *Ipomoea* wild relatives have highly desirable characteristics that meet agronomic requirements for production of commercial varieties.

The molecular characterization of cultivated and *Ipomoea* wild species will assess the available genetic resources to support breeding programs and germplasm conservation. In this study, 89 accessions including cultivated and *Ipomoea* wild species belonging to the National Germplasm Bank INIAP was characterized using 8 SSR primer pairs marked with fluorescence by the M13-Tailing technology. The DNA of the accessions was extracted, the SSRs were amplified by PCR and the products were genotyped in the DNA analyzer LICOR 4300. Sixty eight alleles were detected with average of 8.5 alleles per locus. In addition, a high genetic diversity (0.7050) was found and the observed heterozygosity was 0.3104. The UPGMA, Neighbor-Joining and the Principal Coordinate Analysis revealed two genetic groups of cultivated yam and one of wild species.

On average for each group a Nei's diversity index of 0.107 was observed. AMOVA analysis showed that genetic variance is distributed in greater proportion within each population (74%). Additionally, genetic assignment was performed using a Bayesian method to confirm the membership of each genotype to one of the three analyzed populations.