

**ESCUELA POLITÉCNICA DEL EJÉRCITO**

**DEPARTAMENTO DE CIENCIAS DE LA VIDA  
INGENIERÍA EN BIOTECNOLOGÍA**

**ESTUDIO DE FLUJO DE GENES EN QUINUA  
(*CHENOPODIUM QUINOA W.*) EN CAMPO DE  
AGRICULTORES MEDIANTE EL USO DE  
MARCADORES MICROSATÉLITES**

**Previa a la obtención de Grado Académico o Título de:**

**INGENIERA EN BIOTECNOLOGÍA**

**ELABORADO POR:**

SANDRA PAOLA GONZÁLEZ MARÍN

**Sangolquí, 8 de septiembre del 2009**

## RESUMEN

El flujo de genes entre plantas cultivadas y sus formas silvestres emparentadas es un tema de interés científico de actualidad con enfoque a la introducción de plantas transgénicas en áreas de agro biodiversidad. En el caso de la región andina, centro de origen de un gran número de cultivos, pocos son los estudios que documenten este proceso. Nuestro estudio se centró en la quinua, la cual presenta en campo, una mezcla de grano de las variedades comerciales (INIAP Tunkahuan) y criollas, con grano negro, típico de las quinuas malezas o “ashpas” quinuas. Para determinar el origen de esta mezcla, realizamos un muestreo en campos de producción de las provincias de Chimborazo, Carchi, Imbabura y Bolívar, obteniéndose panojas de 11 lotes de producción, y tres poblaciones silvestres de quinua (no identificadas).

En los lotes de producción se muestrearon al azar panojas de grano blanco, y quinuas maleza conocidas como “mallas”. De las panojas muestreadas, se colectó el grano y se realizó la germinación en invernadero para la extracción de ADN, obteniéndose 56 plántulas germinadas de quinua blanca, negra y moteada. Estas muestras, además de 21 quinuas silvestres, se analizaron con ocho marcadores microsatélites previamente seleccionados por su polimorfismo, utilizando el método M13-tailing en un secuenciador LI-COR 4300S. El polimorfismo SSR muestra una clara diferenciación genética entre las poblaciones silvestres y cultivadas, y una gran afinidad entre las mallas y las quinuas silvestres. Además con el análisis de los resultados, determinada por la presencia de alelos compartidos entre los tres grupos genéticos, el test de asignación genética como el análisis de multivariado realizado agrupa a plántulas obtenidas de grano moteado y de grano negro (de quinuas mallas) en el grupo de quinua cultivada junto a quinuas de grano blanco y un moderado pero significativo valor del  $F_{st}$  entre las tres poblaciones. Estos datos demostrarían que la diversidad genética de la quinua es dinámica confirmando la hipótesis de flujo genético espontáneo en campo de agricultores.

**Palabras claves:** quinua, flujo de genes, SSR, ashpa quinua, alelos, asignación genética

....

## ABSTRACT

Gene flow between cultivated plants and their wild relatives is a matter of current scientific approach to the introduction of transgenic plants in a high variety of agrobiodiversity. The main center of production of those crops, it is found in the Andean's region. In this rich region, few scientific researches have conducted in documenting this process.

Our study is interested in the quinoa, which has been observed in farmers' fields, a mixture of commercial varieties of grain (INIAP Tunkahuan) and Creole, with black grain, quinoa is typical of weeds or "ashpas quinoa". To determine the origin of this mixture, we carried out a sampling of production areas in the provinces of Chimborazo, Carchi, Imbabura and Bolivar and obtaining panicles in the 11 production batches, and three wild population of quinoa (not identified).

The sampled of these panicles were conducted at random in these 11 production batches of white grain, weed known as "malla". The sampled panicles were collected and grain germination was performed in the greenhouse with the purpose to obtain the DNA extraction. These samples, plus 21 wild quinoa was analyzed using eight microsatellite markers, previously selected for their polymorphism, using the M13-tailing in a sequence LI-COR 4300S. SSR polymorphism shows a clear genetic differentiation among population of wild and cultivated, while an affinity genetic between the weed and quinoa Wild. In addition to analyzing the results, determined by the presence of alleles shared between the three genetic groups, the allocation of genetic test as performed multivariate analysis includes individual speck black grain and black grain (Quinoa weed) these group belongs to a cultivate group ( white grain) and a moderate but significant value of  $F_{st}$  between the three populations. These data demonstrate that the genetic diversity of quinoa is dynamic confirming the hypothesis of spontaneous gene flow in farmer's field.

**Keywords:** quinoa, gene flow, SSR, ashpa alleles, quinoa genetic assignment