



GOBIERNO NACIONAL DE LA  
REPÚBLICA DEL ECUADOR

## VIII SIMPOSIO INTERNACIONAL DE RECURSOS GENÉTICOS DE AMÉRICA LATINA Y EL CARIBE SIRGEALC



**Fecha: 21 al 23 de noviembre de 2011**

**Resúmenes de los Trabajos presentados**

Quito – Ecuador 2011®

Número de Publicación Miscelánea No 191

No. De Derechos de Autor: 037819

ISBN 978-9942-07-215-3



Todos los derechos reservados  
Prohibido la reproducción total o parcial

## ANÁLISIS DE LA VARIABILIDAD GENÉTICA DE VARIEDADES CRIOLLAS DE FRÉJOL (*Phaseolus vulgaris* L.) EN DOS AGROECOSISTEMAS ANDINOS EN ECUADOR Y SU ASOCIACIÓN CON EL GRADO DE RESISTENCIA A ROYA

Torres C.1, Ochoa J.2, Miño G.1 García K. y Morillo E.1

<sup>1</sup> INIAP, Estación Experimental Santa Catalina. Departamento Nacional Biotecnología. Panamericana Sur km1. mail: biotecnologia.eesc@iniap.gob.ec

<sup>2</sup> INIAP, Estación Experimental Santa Catalina. Departamento Nacional Protección Vegetal. Panamericana Sur km1. mail: jose.ochoa@iniap.gob.ec

**Palabras clave:** *Phaseolus vulgaris* L., roya, microsatélites, centros de variabilidad

### Introducción

La diversidad fenotípica de variedades criollas de fréjol en las zonas de Cotacachi y Saraguro en Ecuador es alta. La conservación de la diversidad es una prioridad para contribuir con la seguridad alimentaria del país. Para hacer de la conservación un proceso sostenible, es necesario definir el grado de diversidad genética y su utilidad. La resistencia y/o tolerancia de las variedades criollas a factores bióticos y abióticos, probablemente esté contribuyendo a la estabilidad de los agroecosistemas tradicionales; sin embargo, es necesario proveer evidencias científicas que confirmen esta hipótesis. En el Ecuador es de suma importancia un adecuado manejo de los recursos genéticos de las variedades criollas de fréjol, ya que en nuestro país predomina el uso de esta variedad (Peralta, *et al.*, 2007).

El análisis molecular de la diversidad genética permite definir el grado real de la variabilidad, lo que conjuntamente con datos fenotípicos de resistencia/tolerancia a factores bióticos permitirá definir de mejor manera el valor de la diversidad contribuyendo a reducir la vulnerabilidad del cultivo, y definir estrategias sostenibles de conservación.

En esta investigación se analizó la variabilidad genética de variedades criollas de fréjol de Cotacachi y Saraguro, y se asoció con la resistencia a roya (*Uromyces appendiculatus*), una enfermedad importante del fréjol en Ecuador para conocer si existe diversidad intraespecífica en los sitios de estudio, contribuyendo a determinar si esta diversidad en los campos de los agricultores reduce la vulnerabilidad y daño a los cultivos. En el Ecuador la roya constituye una de las enfermedades más importantes del cultivo de fréjol; puede llegar a ocasionar pérdidas del 46% cuando el cultivar es susceptible (Ochoa *et al.*, 1999; Peralta *et al.*, 2007). Es necesario tener en cuenta que el patógeno de la roya posee una amplísima variación patogénica por lo que el manejo de la roya es más eficiente cuando se usa la mayor diversidad de variedades (Bayer-Crop Science, 2008).

### Objetivos

Caracterizar la variabilidad genética de cultivares locales de fréjol colectados en dos agroecosistemas andinos (Cotacachi y Saraguro), y un grupo de materiales mejorados, y relacionar la variabilidad con la resistencia genética a roya.

### Metodología

Para el análisis de 154 accesiones provenientes del cantón Cotacachi, 128 del cantón Saraguro y 30 accesiones entre líneas promisorias, progenitores fuentes de resistencia y variedades mejoradas desarrolladas por el INIAP, se empleó el protocolo de extracción reportado por

Colombo *et al.* (1998). Se caracterizó el polimorfismo de diez marcadores microsatélites reportados por Gaitán *et al.* (2002) utilizando la tecnología de primers fluoromarcados con el secuenciador ABI PRISM-310 y SSR-M13 tailing con el DNA Analyzer LI-COR 4300s.

Los parámetros de diversidad genética como Frecuencia Alélica, Número de genotipos, Disponibilidad, Heterocigosis Esperada, Heterocigosis Observada y Contenido de información de polimorfismo (PIC) se obtuvieron mediante el paquete estadístico de genética poblacional Power Marker V3.0 (Liu y Muse, 2005). La evaluación de la estructura genética se llevó a cabo mediante un análisis de agrupamiento estimando la similitud empleando el coeficiente de similitud SM (Simple Matching) empleándose los algoritmos UPGMA y Neighbor Joining con los programas NTSYS (Rohlf, 2002) y Power Marker V3.0. Adicionalmente se realizó análisis de coordenadas principales (PCO) con el programa NTSYS. La estimación de Índice de fijación ( $F_{st}$ ), Endogamia total ( $F_{it}$ ) y Endogamia Intrapoblacional ( $F_{is}$ ) se hicieron en el programa FSTAT V2.9.3.2 (Goudet, 2001). Para el Análisis Molecular de Varianza se usó el paquete estadístico de genética poblacional Arlequin V3.1 (Excoffier *et al.*, 2006).

## Resultados y discusión

Se registraron 207 alelos con un promedio de 20,7 alelos/locus, una diversidad genética promedio de 0,810 y un Contenido de Información Polimórfica (PIC) de 0,79. En el análisis de 259 muestras se encontraron tres casos de identidad genotípica en las accesiones provenientes de Cotacachi y solo uno en el caso del cantón Saraguro. El alto nivel de polimorfismo observado se puede atribuir al origen de las muestras ya que en el caso específico de Saraguro constituye un centro de origen y en el caso de Cotacachi un área de gran diversidad, adicionalmente esto se debe a los marcadores empleados, ya que son altamente informativos por su polimorfismo. La gran riqueza alélica encontrada en este material es de suma importancia ya que confiere mayor probabilidad de responder favorablemente a presiones de selección ambiental (González, 2008).

En los análisis de agrupamiento y multivariado no se observó un alto nivel de estructuración, por otro lado se identificó la presencia de un grupo de accesiones provenientes de Saraguro que presentó gran diferenciación respecto a las Líneas promisorias, Progenitores fuentes de resistencia y Variedades mejoradas. Los altos niveles de endogamia sugieren el efecto combinado de apareamiento no panmítico dentro de las subpoblaciones y la deriva genética entre subpoblaciones. Los datos de (niveles) de resistencia disponibles no contribuyeron a un mejor agrupamiento de los cultivares, por no estar ligado a los marcadores utilizados, pero contribuyeron a mejorar el análisis de diversidad y confirmar la gran variabilidad de las poblaciones evaluadas. Adicionalmente, el análisis combinado permitió definir el grado de variabilidad de la resistencia presente en las variedades criollas, y sugieren por lo tanto una eventual diversidad de las fuentes de resistencia que aparece como promisorias para los programas de mejoramiento genético.

## Conclusiones

- En el material analizado se encontró un alto polimorfismo de los marcadores (20,7 alelos/locus) que determinan una gran diversidad genética de frejol en las áreas de estudio.
- Se confirmó el alto poder discriminante de los marcadores microsatélites empleados en este estudio (PIC: 0,7920)
- Los bajos valores de Heterocigosis observada puede ser resultado de la combinación de varios factores como el predominio de la reproducción autógena, un mismo proceso de domesticación para los dos cantones y un proceso de deriva genética provocado por la selección y domesticación regido por los agricultores.

- Existe gran diversidad de la resistencia genética pero esta no contribuye a una mejor estructuración de las muestras, siendo en este caso un factor que contribuye aun más en la diversidad de las accesiones.
- La diversidad fenotípica observada está asociada a los factores ambientales y ecológicos de cada región, ya que no se observó ninguna congruencia entre las características fenotípicas y genéticas de las accesiones analizadas.
- Existe una diferenciación moderada entre las variedades criollas de hábito de crecimiento arbustivo y las variedades mejoradas del mismo hábito, lo que sugiere que este germoplasma tiene potencial para ser empleadas en los programas de mejoramiento.
- Algunas variedades criollas de hábito voluble provenientes de Saraguro presentan gran diferenciación ( $F_{st}$  0,24) respecto a las variedades mejoradas por lo que son promisorias para la búsqueda de nuevas fuentes de resistencia.

## Bibliografía

- BAYER-CROP SCIENCE, Pe. 2008. *Uromyces appendiculatus*. Lima, Perú. Extraído el 23 de Junio del 2010. Disponible en <http://www.bayercropscience.com.pe/web/index.aspx?articulo=536>
- Colombo, C.; Second, G.; Losada Valle, T.; Charrier, A. 1998. Genetic diversity characterization of cassava cultivars (*Manihot esculenta* Crantz). RAPD markers. *Genetics and Molecular Biology* 11: 105-113.
- Excoffier, L.; Laval, G.; Schneider, S. 2000. Arlequin: A Software for Population Genetics Data Analysis, Versión 2.000. Laboratorio de Genética y Biometría, Dept. de Antropología, Universidad de Ginebra, Suiza.
- Gaitán-Solís, E.; Duque, C.; Edwards, K.; Tohme, J. 2002. Microsatellite Repeats in Common Bean (*Phaseolus vulgaris*): Isolation, Characterization, and Cross-Species Amplification in *Phaseolus* ssp. *Crop Science Society of America*. 42: 2128-2136.
- Liu, K.; Muse, S. 2005. Power Marker: Integrated analysis environment for genetic marker data. *Bioinformatics*, 21(9), 2128-2129.
- Ochoa, J.; Cruz, E.; Murillo, A. 1999. Resistencia parcial y perdidas se rendimiento de variedades de fréjol arbustivo en Ecuador. Tercer Taller de PREDUZA en Resistencia Duradera en cultivos Altos en la Zona Andina. Cochabamba, Bolivia. 60-65.
- Peralta, E.; Murillo, E.; Falconí, E.; Mazón, N.; Pinzón, J. 2007. Manual de campo para el reconocimiento y control de enfermedades más importantes que afectan al cultivo de fréjol (*Phaseolus vulgaris* L.) en Ecuador. Publicación Miscelánea N° 136. Programa Nacional de Leguminosas y Granos Andinos. Estación Experimental Santa Catalina. Quito, Ecuador.
- Rohlf, F.J. 2002. NTSYS pc: Numerical Taxonomy System, Version 2.1. Exeter Publishing, Setauket, NY.