

ESCUELA POLITECNICA DEL EJERCITO

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

**CARACTERIZACION MOLECULAR DE LA COLECCIÓN
LOJANA DE FREJOL ARBUSTIVO (*Phaseolus vulgaris*
L.) CONSERVADA EN EL BANCO NACIONAL DE
GERMOPLASMA DEL INIAP – ECUADOR**

Previa a la obtención de Grado Académico o Título de:

INGENIERA EN BIOTECNOLOGIA

ELABORADO POR:

VERÓNICA ALEJANDRA BONILLA HERMOSA

SANGOLQUI, 20 de Mayo de 2010

RESUMEN

El fréjol común (*Phaseolus vulgaris* L.) es una de las leguminosas más importantes para el consumo humano a nivel mundial por su alta concentración de proteínas, especialmente en países de bajos recursos económicos. El objetivo del presente estudio fue caracterizar molecularmente 123 accesiones de la colección lojana de fréjol arbustivo (*Phaseolus vulgaris* L.) conservada en el Banco Nacional de Germoplasma del INIAP- Ecuador, mediante 10 marcadores microsatélites marcados con fluorescencia por la técnica M13-Tailing. Se extrajo el ADN de las accesiones mediante un kit comercial, se amplificaron los SSRs mediante PCR y se genotiparon en el analizador de ADN LI-COR 4300. Se detectaron 83 alelos con un promedio de 9.22 alelos por marcador, además se encontró una alta diversidad genética de 0,723 y una heterocigosidad observada de 0.109. Los métodos UPGMA, Neighbor-Joining y el Análisis de Coordenadas Principales revelaron dos grupos de accesiones dentro de la colección lojana, que corresponden presumiblemente a los acervos Mesoamericano y Andino considerando las diferencias en caracteres morfológicos y en los estadísticos F_{st} (0.307), AMOVA (31%) y distancia genética de Nei (1.63) que mostraron alta diferencia genética entre ambos grupos, además de la presencia de alelos exclusivos para cada grupo. El grupo predominante y con mayor diversidad genética fue el de accesiones posiblemente andinas, pero no presentó una subestructuración definida. La gran variabilidad genética encontrada en la colección lojana de fréjol arbustivo puede ser de mucha utilidad para futuros proyectos de mejoramiento genético y de conservación del germoplasma.

ABSTRACT

The common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) is the most important legume for human consumption in the world for its high protein concentration, especially in countries with low economic resources. The objective of this study was to characterize the genetic variability of 123 accessions of the bush bean Loja's collection (*Phaseolus vulgaris* L.) preserved in Germplasm's National Bank of the INIAP – Ecuador, using 10 SSR primer pairs marked with fluorescence by the technology M13-Tailing. The DNA of the accessions was extracted by a commercial kit, the SSRs were amplified by PCR and the products were genotyped in the DNA analyzer LI-COR 4300. Eighty-three alleles were detected with average of 9.22 alleles per locus, in addition, a high genetic diversity (0,723) was found and the observed heterozygosity was 0.109. The methods UPGMA, Neighbor-Joining and the Principal Coordinate Analysis revealed two groups of accessions inside the Loja's collection, that probably belong to the Mesoamerican and Andean major gene pools considering differences in some morphologic traits and in the statisticians F_{st} (0.307), AMOVA (31 %) and Nei's genetic distance (1.63) that showed high genetic difference between both groups, furthermore each group presented exclusive alleles. The possible Andean group was predominant and it had major genetic diversity than the Mesoamerican group, but the Andean group didn't show a clear substructure. The great genetic variability found in bush bean Loja's collection, can be very useful in future projects of genetic improvement and of germplasm conservation.