

**PONTIFICIA UNIVERSIDAD CATÓLICA
DEL ECUADOR**

DEPARTAMENTO DE CIENCIAS BIOLÓGICAS

**ANÁLISIS DE POLIMORFISMO EN LAS COLECCIONES DE JÍCAMA
(*Polymnia sonchifolia* P&E) Y MISO (*Mirabilis expansa* R&P) DEL
BANCO DE GERMOPLASMA DEL INIAP**

LUIS EDUARDO MORILLO VELASTEGUÍ

QUITO, 1998

RESUMEN

El Banco de Germoplasma del INIAP conserva en el campo varias colecciones clonales, principalmente de raíces y tuberosas andinas. En la actualidad estas especies sufren un alto grado de erosión genética. Para conocer la diversidad genética y promover la utilización de este germoplasma, es necesario caracterizarlo y evaluarlo mediante el uso de marcadores morfológicos y agronómicos los mismos que deben ser complementados con marcadores poco o nada influenciados por el ambiente como son la electroforesis de isoenzimas y la Amplificación del ADN al Azar (RAPDs). Esto permitirá la detección de materiales promisorios y su posible uso en programas de fitomejoramiento.

La presente investigación tuvo como objetivos estudiar la diversidad genética de la jicama (*Polymnia sonchifolia* P&E) y miso (*Mirabilis expansa* R&P) conservadas *ex situ* en el Departamento Nacional de Recursos Fitogenéticos y Biotecnología del INIAP.

Las partes utilizables de la jicama son sus raíces. Un aspecto interesante de este cultivo es que el principal carbohidrato presente en las raíces es la fructuosa, lo que la convierte en una potencial fuente azucarera para diabéticos. Es una especie perenne y la primera cosecha se puede realizar a partir de los 8 meses. Sus rendimientos alcanzan hasta las 40 t/ha. El miso igualmente es cultivado por sus raíces, las cuales son consumidas cocidas. Tiene un alto potencial para la producción de almidón. Es una planta perenne y sus rendimientos alcanzan las 20 t/ha.

La presente investigación se basó en la caracterización morfológica y agronómica en el campo de 25 entradas de jicama y 11 entradas de miso. Para este fin se definieron 33 descriptores para jicama (25 morfológicos y 8 agronómicos) y 20 descriptores para miso (12 morfológicos y 8 agronómicos). Se realizaron análisis de correlación, medias, desviación estándar y grados de asociación entre accesiones para una determinada variable.

El análisis estadístico estuvo dirigido a formar grupos en base a las similitudes de las entradas de las dos especies, aplicando el análisis de agrupamiento o “Cluster Analysis”. Se realizaron agrupamientos basados en características morfológicas y moleculares, para determinar relaciones entre morfotipos y genotipos.

Las 25 entradas de jícama fueron colectadas en 8 provincias de la Sierra. Los caracteres agronómicos permitieron definir entradas promisorias en base a rendimientos, tamaño y número de raíces/planta. Morfológicamente se definieron 3 grupos y 2 subgrupos dentro de la colección con diferencias en caracteres cuantitativos entre entradas. Básicamente estos morfotipos presentan diferencias en cuanto a las siguientes variables: hábito de crecimiento, color primario del tallo, grado de coloración rojiza en la planta, forma, base y ápice de la lámina, hábito de floración, color de las flores, y color primario y secundario de la pulpa.

La técnica de isoenzimas no es aplicable para esta especie ya que no permitió determinar diferencias genéticas evidenciando su bajo nivel de polimorfismo genético. Al contrario, los RAPDs permitieron encontrar variabilidad genética. Sin embargo, los índices de similitud obtenidos fueron muy próximos entre entradas de un mismo grupo ya que se obtuvieron bandas polimórficas entre grupos y raramente dentro de grupos o exclusivas de una entrada.

Al analizar los agrupamientos obtenidos, tanto a partir de datos morfológicos como moleculares, se encontró que existe correlación entre los fenogramas. Esto indica que las diferencias fenotípicas observadas en el campo, se tradujeron en diferencias genotípicas, y cuyas diferencias en caracteres cuantitativos, se deben a efectos del medio ambiente, calidad de semilla, manejo, etc.

En el caso del miso se estudiaron 11 entradas colectadas sólo en 2 provincias de la sierra y una entrada peruana. Igualmente se definieron entradas promisorias en función del rendimiento, número de raíces/planta y contenidos de almidón. Morfológicamente se definieron 2 grupos principales y 7 subtipos dentro de la colección. Básicamente estos morfotipos presentan diferencias en cuanto a las siguientes variables: hábito de crecimiento, color del tallo principal, color del haz y nervadura de la hoja y color de la flor, y varían en color de la epidermis y de la pulpa de las raíces entre accesiones.

Las isoenzimas permitieron observar diferencias genéticas entre accesiones de miso, discriminando en general a la entrada peruana del resto. La técnica de RAPDs permitió analizar una mayor cantidad de polimorfismos. Sin embargo, el bajo número de fragmentos polimórficos en relación a la cantidad de partidores utilizados en la amplificación del ADN, nos indica que la variabilidad genética de este germoplasma es baja, seguramente debido a su restringida distribución geográfica.

Los fenogramas obtenidos a partir de datos morfológicos y moleculares, no presentaron coherencia. Esto hace suponer que los alelos muestreados vía PCR, no están relacionados a las variables morfológicas estudiadas.

SUMMARY

The INIAP's germoplasm bank preserves on field some clonal collections mainly andean roots and tubers crops. At present these species suffer a high grade of genetic erosion. In order to know the genetic diversity and promote the utilization of this germoplasm, it is necessary to characterize and evaluate through the use of morphological and agronomical markers; which must be complemented with markers a little or not influenced by the environment like isozymes electrophoresis and randomic amplified polymorphic DNA. This will allow the detection of promissory materials and its possible to use them on breeding programs.

This investigation had as objective the study of the genetic diversity of jicama (*Polymnia sonchifolia* P&E) and miso (*Mirabilis expansa* R&P). This material is conserved ex situ in the National Department of Plant Genetic Resources and Biotechnology (DENAREF) of INIAP.

The roots are the utilizable parts of jicama which are consumed fresh. An interesting aspect of this crop is that fructose is the principal carbohydrate in the roots, which makes it a potential source of sugar for diabetics. It is a perpetual species and the first harvest can be performed after 8 months. The yieldings reach up to 40 t/ha. In the same way miso is cultivated for its roots, which are consumed cooked. It also has a high potential for starch production. So it is a perpetual plant and the yieldings reach was 20 t/ha.

This study was based in the morphological and agronomical characterization in the field of 25 entries of jicama and 11 entries of miso. For this purpose, 33 descriptors were defined for jicama (25 morphological and 8 agronomical) and 20 descriptors for miso (12 morphological and 8 agronomical). Various analysis were performed: correlation, averages, standard deviation and association grades among entries for a determined variable.

The statistical analysis was focused towards forming groups based on the similarity of the entries of both species, using the "Cluster Analysis". Grouping was performed based on morphological and molecular traits, in order to determine relations between morphotypes and genotypes.

The 25 entries of jicama were collected in 8 provinces of the andean region. The agronomical traits allowed to define promissory entries based on yieldings size and number of roots per plant. Three groups and 2 subgrupus were defined morphologically in the collection with differences on quantitative traits between the accessions. These morphotypes show basically differences like: growth habits, primary color of stem, reddish grade of the plant, shape, base and apex of the leave, flowering habit, flowers colors, and primary and secondary color of the pulp.

The technique of isozymes is not applicable for this species because it did not permit to determine genetics differences proving the low level of genetic polymorphisme. On the other hand the RAPDs allowed to find genetic variability. Nevertheless, the indexes of similarity obtained were very close among entries of the same group since polymorphic bands were obtained and rarely inside the groups or exclusives of an entry.

When we analyze the cluster, starting on morphological and molecular data, we found that correlation exists between the fenograms. This shows that the fenotypical differences observed on field, were translated into genotypical differences. The differences in quantitative traits are due to the environmental effects, seed quality, handling, etc.

As for miso, we studied 11 entries collected only in two provinces of the andean region and one perouvian entry. In the same way, promissory entries were defined in relation to the yielding, number of roots per plant, and starch contents. Two principal groups and 7 subtypes were morphologically defined. Basically these morphotypes show differences like: growth habit, color of the main stem, leaf nervure and gavel color, they vary among entries in the epidermis color and the root pulp.

The isozymes permitted to observe genetic differences among miso accesions. He peruvian entry was discriminated from the others . The technique of RAPD's permitted to analyze a larger amount of polymorphisms. Nevertheless, the low number of polymorphic fragments in relation to the quantity of primers used in DNA amplification indicates that the genetic variability of this germoplasm is low. The ferograms obtained from morphological and molecular data did not show coherence. This brings us to think that the sampled aleles via PCR are not related to the morphological traits studied.