



UNIVERSIDAD REGIONAL AMAZÓNICA IKIAM
FACULTAD DE CIENCIAS DE LA VIDA
CARRERA EN BIOTECNOLOGÍA

**ANÁLISIS PRELIMINAR DE LA DIVERSIDAD GENÉTICA DE
VAINILLAS EN LOTES DE PRODUCCIÓN DE LA PROVINCIA DE
NAPO CON MARCADORES MOLECULARES**

Proyecto de Investigación previo a la obtención del Título de:
INGENIERA EN BIOTECNOLOGÍA

AUTORA: Evelyng Lissette Vasquez Arriaga
TUTORA: PhD. CAROLINE NICOLE BACQUET PÉREZ
COTUTOR: PhD. LUIS EDUARDO MORILLO VELASTEGUI

Napo – Ecuador
2024

RESUMEN

El cultivo de vainilla es económicamente uno de los más importantes en el sector de las especias debido a su alta demanda en diversas industrias. En la provincia de Napo, se cultiva *Vanilla odorata*. La falta de conocimiento sobre la diversidad genética en los lotes de producción de vainilla ha generado incertidumbre debido a la introducción de especies silvestres por parte de los productores. Esta investigación realizó un análisis preliminar de la diversidad genética en los cultivos de *V. odorata* mediante marcadores moleculares SSRs e ISSRs. Se establecieron las condiciones para el genotipaje, identificando 18 marcadores SSRs y 9 ISSRs que amplifican varios genotipos de vainilla. Se intentó generar perfiles de amplificación con los marcadores SSRs, estos marcadores no fueron concluyentes en esta esta investigación debido a problemas metodológicos, y se optó por realizar los análisis con los ISSRs. El análisis poblacional reveló tres grupos genéticos de *V. odorata*. El análisis de componentes principales capturó el 42.52% de la varianza total, mientras que el AMOVA mostró una varianza del 68% dentro de las poblaciones. El PhiPT, medida de la diferenciación genética entre poblaciones, fue 0.316 con un valor de significancia de 0.001, estos resultados indica variabilidad genética en los lotes de producción. Este estudio contribuye a la comprensión de la diversidad genética de la vainilla y sienta las bases para futuras investigaciones.

Palabras claves: Diversidad genética, *Vanilla odorata*, marcadores moleculares, SSR, ISSR

ABSTRACT

The cultivation of vanilla is economically one of the most important in the spice sector due to its high demand in various industries. In the province of Napo, *Vanilla odorata* is cultivated. The lack of knowledge about genetic diversity in vanilla production lots has generated uncertainty due to the introduction of wild species by producers. This research conducted a preliminary analysis of genetic diversity in *V. odorata* crops using SSRs and ISSRs molecular markers. Conditions for genotyping were established, identifying 18 SSR markers and 9 ISSRs that amplify various vanilla genotypes. Attempts were made to generate amplification profiles with SSR markers, but these markers were inconclusive in this investigation due to methodological issues, and analyses were conducted with ISSRs instead. Population analysis revealed three genetic groups of *V. odorata*. Principal component analysis captured 42.52% of the total variance, while AMOVA showed 68% variance within populations. The PhiPT, a measure of genetic differentiation between populations, was 0.316 with a significance value of 0.001, indicating genetic variability in production lots. This study contributes to the understanding of vanilla genetic diversity and lays the groundwork for future research.

Key words: Genetic diversity, *Vanilla odorata*, molecular markers, SSR, ISSR