

ESCUELA POLITÉCNICA DEL EJÉRCITO

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

**ESTUDIO DE LA VARIABILIDAD GENÉTICA DE
CULTIVARES LOCALES DE FRÉJOL (*Phaseolus vulgaris* L.)
COLECTADO EN DOS AGROECOSISTEMAS ANDINOS
(Cotacachi y Saraguro), Y SU RELACIÓN CON LA
RESISTENCIA GENÉTICA A ROYA**

**Previa a la obtención de Grado Académico o Título de:
INGENIERA EN BIOTECNOLOGÍA**

ELABORADO POR:

CARLA CATALINA TORRES RUIZ

SANGOLQUÍ, 13 de Febrero del 2012

RESUMEN

La diversidad fenotípica de variedades criollas de fréjol en las zonas de Cotacachi y Saraguro en Ecuador es alta. Actualmente, en el Ecuador predomina el uso de variedades criollas, por lo que es necesario un adecuado manejo y fomento de los recursos genéticos de fréjol criollo. El objetivo de esta investigación fue caracterizar la variabilidad genética de 289 cultivares locales de fréjol (*Phaseolus vulgaris* L.) colectado en dos agroecosistemas andinos (Cotacachi y Saraguro) y 30 cultivares mejorados y relacionar la variabilidad genética con el grado de resistencia genética a roya, por medio de 10 marcadores moleculares microsatélites fluorescentes.

El método de extracción de ADN fue el protocolo reportado por Colombo *et al.* (1998), se amplificaron los SSRs mediante PCR. En el proceso de genotipaje se emplearon los Analizadores Genéticos ABI PRISM 310 y LI-COR 4300. En el análisis de las 289 muestras se presentaron 207 alelos equivalente a 20,7 alelos/locus, una Heterocigosis esperada de 0,8103 y una Heterocigosis observada de 0,1162. Los métodos UPGMA, Neighbor-Joining y el Análisis de Coordenadas Principales revelaron en Cotacachi un grupo que corresponde presumiblemente al acervo Andino y en Saraguro dos grupos de accesiones que pertenecen presumiblemente a los acervos Mesoamericano y Andino, resultados corroborados con las características morfológicas de las semillas y los estadísticos F_{st} y el AMOVA, además de la presencia de alelos exclusivos para cada grupo. Existe gran diversidad de la resistencia genética pero esta no contribuye a una mejor estructuración de las muestras, siendo un factor que contribuye aún más en la diversidad de las accesiones. La diferenciación encontrada entre las variedades criollas y las variedades mejoradas, sugirió que este germoplasma tiene potencial para ser empleado en los programas de mejoramiento y en la búsqueda de nuevas fuentes de resistencia.

ABSTRACT

The phenotypic diversity of landraces of beans in the areas of Cotacachi and Saraguro in Ecuador is high. Currently, in Ecuador predominant use of local varieties, so it is necessary to the proper management and development of genetic resources local bean. The objective of this research was to characterize the genetic variability of 289 local cultivars of beans (*Phaseolus vulgaris* L.) collected in two Andean agroecosystems (Cotacachi and Saraguro) and 30 improved cultivars and related genetic variability to the degree of genetic resistance to rust, using 10 fluorescent microsatellite marker.

The method of DNA extraction was the protocol reported by Colombo *et al.* (1998), SSRs were amplified by PCR. In the process of genotyping were used ABI PRISM Genetic Analyzer 310 and LI-COR 4300. In the analysis of the 289 samples showed 207 alleles equivalent to 20,7 alleles/locus, an expected heterozygosity of 0,8103 and 0,1162 observed heterozygosity. The methods UPGMA, Neighbor-joining and Principal Coordinate Analysis revealed in Cotacachi a group corresponding presumably to the Andean Pool, in Saraguro two groups of accessions presumably belonging to the Mesoamerican and Andean pools, results corroborated with the morphological characteristics of seeds and Fst and AMOVA statistics, besides the presence of unique alleles for each group. There is great diversity of genetic resistance but this does not contribute to better structuring of the samples, being a further contributing factor in the diversity of the accessions. The differentiation between landraces and improved varieties, suggested that this germoplasm has the potential to be used in breeding programs and in finding new sources of resistance.