

ESCUELA POLITÉCNICA DEL EJÉRCITO

DEPARTAMENTO DE CIENCIAS DE LA VIDA

INGENIERÍA EN BIOTECNOLOGÍA

**“CARACTERIZACIÓN MOLECULAR DE MANÍ (*ARACHIS
HYPOGAEA*, L) DEL BANCO NACIONAL DE
GERMOPLASMA DE LA ESTACIÓN EXPERIMENTAL
SANTA CATALINA- INIAP, ECUADOR”**

Previa a la obtención de Grado Académico o Título de:

INGENIERO EN BIOTECNOLOGÍA

ELABORADO POR:

CAROLINA VANESSA COSTA IZURIETA

SANGOLQUÍ, 21 de Mayo del 2010

RESUMEN

El maní cultivado *Arachis hypogaea*, L es una leguminosa de importancia mundial para la dieta humana, dado que en su semilla encontramos un alto porcentaje de aceites, proteínas y vitaminas. Dichas características son muy aprovechadas por la industria alimenticia.

El objetivo de este estudio fue determinar la variabilidad genética de 288 accesiones del maní cultivado (*Arachis hypogaea*, L) del banco nacional de germoplasma del INIAP. Para ello se realizó una caracterización molecular, mediante el uso de 10 loci microsatélites, que revelaron información genética en cuanto a la diversidad genética y a las relaciones genéticas entre los individuos de estas accesiones. Un total de 129 alelos fueron detectados con un promedio de 12,9 alelos por locus. El promedio del contenido de información polimórfica (PIC) fue de 0,76. La heterocigocidad observada y esperada arrojó valores promedio de 0,879 y 0,788 respectivamente. Dichos parámetros indican una alta diversidad genética presente en la colección de maní cultivado.

Mediante la construcción de un dendograma UPGMA, una PCO y un análisis de correspondencias (AFC), se establecieron las relaciones genéticas, donde se observó la formación de dos poblaciones (*fastigiata* e *hypogaea*), que representan las dos subespecies de *Arachis hypogaea*, L.

Los índices de fijación F determinaron la existencia de un alto porcentaje de individuos heterocigotos.

El resultado de la correlación entre datos morfoagronómicos y moleculares resultó no significativa ($r= 0,02$), lo que indica una baja correlación entre las distancias morfoagronómicas y moleculares.

ABSTRACT

The cultivated peanut *Arachis hypogaea*, L is a globally important legume for human diet, since its seeds are a high percentage of oils, proteins and vitamins. These characteristics are exploited by the food industry.

The aim of this study was to determine the genetic variability of 288 accessions of cultivated peanut (*Arachis hypogaea* L) of the national bank of germplasm of INIAP. This molecular characterization was performed by using 10 microsatellite loci, which revealed genetic information about the genetic diversity and genetic relationships among individuals in these accessions. A total of 129 alleles were detected with an average of 12, 9 alleles per locus. The average polymorphic information content (PIC) was 0.76. The observed and expected heterozygosity yielded average values of 0.879 and 0.788 respectively. These parameters indicate a high genetic diversity present in the collection of cultivated peanut.

By constructing a UPGMA dendrogram, a PCO and a correspondence analysis (AFC), the genetic relationships were established, where it was observed the formation of two populations (*fastigiata* and *hypogaea*), representing the two subspecies of *Arachis hypogaea*, L.

The fixation indices F determined the existence of a high percentage of heterozygotes.

The result of the correlation between morphoagronomic and molecular data was not significant ($r = 0.02$), indicating a low correlation between the distances morphoagronomics and moleculars.