

UNIVERSIDAD DE LAS FUERZAS ARMADAS - ESPE

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

**CARACTERIZACIÓN DE LA VARIABILIDAD GENÉTICA
DEL AGUACATE (*Persea americana* Mill.) DE LOS
VALLES INTERANDINOS DEL ECUADOR.**

PREVIA LA OBTENCIÓN DE TÍTULO DE:

INGENIERA EN BIOTECNOLOGÍA

ELABORADO POR:

LIZ ALEJANDRA PONCE MORALES

SANGOLQUÍ, 09 de octubre del 2013

RESUMEN

El aguacate (*Persea americana* M.) debido a sus valiosas características como sabor, alto rendimiento, calidad y demanda, se ha convertido en un producto con alto interés. Por esta razón, en la presente investigación se realizó un estudio de la variabilidad genética en este frutal. Se caracterizó molecularmente 18 muestras de aguacate de tipo Nacional recolectadas en los Valles Interandinos del Austro Ecuatoriano y 182 de la colección de trabajo de aguacate de la Granja Experimental Tumbaco perteneciente al Instituto Nacional de Investigaciones Agropecuarias, determinándose la diversidad y estructura genética. Adicionalmente, se efectuó el análisis global con 48 materiales de tipo Nacional de los Valles del Centro-Norte. Se utilizó 10 microsatélites mediante la técnica M13-Tailing. Las muestras fueron genotipadas en el analizador de ADN LI-COR 4300. Además, se caracterizaron morfológicamente 32 ecotipos de aguacate de la colección de germoplasma del INIAP. Los análisis de diversidad genética revelaron un total 110 alelos en los 10 locus, con un promedio de 11 alelos/locus. El locus AV5 fue el más polimórfico. El PIC reportado fue de 0,73, la heterocigosidad esperada de 0,77 y la heterocigosidad observada de 0,65, siendo indicadores de la alta diversidad genética. El análisis de similitud UPGMA y el análisis de coordenadas principales PCO determinaron la falta de estructura genética en las muestras estudiadas. El análisis global reveló que las colectas de materiales de tipo Nacional en 6 provincias de los valles interandinos del Ecuador, muestran una diferencia genética de 4%, mientras que en comparación con los materiales introducidos de la colección de trabajo del INIAP presentan una diferencia genética del 17%. La identificación de las localidades es útil para desarrollar los programas de mejoramiento y manejo de recursos genéticos. Las poblaciones que mostraron el mayor distanciamiento genético fueron Pichincha y Tungurahua, considerándose candidatas convenientes para realizar cruza dirigidas.

Palabras clave: Aguacate, microsatélites, variabilidad, molecular, morfológico.

ABSTRACT

Because of its valuable characteristics such as flavor, high yield, quality and demand, avocado (*Persea americana* M.) has become a product with high interest for the agriculture sector. A study of genetic variability in this fruit was done in this research. It was carried out a molecular characterization of 18 samples of avocado "National", which were collected in the Austro, and 182 avocado trees from the working collection of Tumbaco (INIAP), determining the genetic diversity and structure. Additionally, a global analysis was performed with 48 materials of avocado "National" from the north and central valleys. Ten microsatellites was used using by the M13- Tailing technique. The samples were genotyped using the DNA analyzer LI-COR 4300. Moreover, 32 avocado ecotypes from the working collection of INIAP were characterized morphologically. Genetic diversity analysis revealed a total 110 alleles in the 10 locus, showing an average of 11 alleles/locus. The locus AV5 was the most polymorphic. The PIC reported was 0.73, the expected heterozygosity was 0,77 and the observed heterozygosity was 0.65, being indicators of high genetic diversity. The UPGMA similarity analysis and the principal coordinate analysis (PCO) identified the lack of genetic structure in the samples studied. The global analysis revealed that the samples of avocado "National" showed a genetic difference of 4% in 6 provinces from the Andean valleys of Ecuador; while compared to the introduced materials from INIAP's working collection have a genetic difference of 17%. The identification of the locations is useful for developing breeding programs and genetic resource management. The populations which showed the highest genetic distance were Pichincha and Tungurahua, being good candidates to carry out breeding crosses.

Key words: Avocado, microsatellites, genetic diversity, molecular, morphologica.