

MGP09-146-T-RESUMEN – ABSTRACT

TESIS DE MAESTRIA

TITULO ORIGINAL : CARACTERIZACIÓN MOLECULAR INTER E INTRA GENOTÍPICA DE 16 ACCESIONES DE *Chenopodium quinoa* (QUINUA) MEDIANTE LA TÉCNICA DE ISSR

AUTOR : TAMAYO CONTRERAS, Hector Luis

E-MAIL :

INSTITUCION : UNIVERSIDAD NACIONAL AGRARIA
LA MOLINA

UNIDAD : ESCUELA DE POSGRADO

ESPECIALIDAD : MEJORAMIENTO GENÉTICO DE PLANTAS

PATROCINADOR : JIMÉNEZ DÁVALOS, Jorge

JURADO : Mg.Sc. Lourdes Tapia Figueroa (Presidente)
Dr. Jorge Jiménez Dávalos (Patrocinador)
Dra. Luz Gómez Pando (Miembro)
Ing. Mg.Sc. Julián Chura Chuquiya (Miembro)

FECHA DE SUSTENTACION : 11 / 12 / 2009

PALABRAS-CLAVE : CHENOPODIUM QUINOA; VARIETADES;
MARCADORES GENETICOS; FENOTIPOS; ADN; VARIACION GENETICA;
GENETICA; HERENCIA GENETICA; CULTIVO; PRODUCCION;
EVALUACION; PERU

RESUMEN ORIGINAL :

La quinua (*Chenopodium quinoa*) es uno de los cultivos más antiguos de la cultura andina, desde hace más de 500 años estuvo marginado al igual que otros granos nativos como la kiwicha y cañihua. La quinua es explotada tanto para el consumo humano y forraje debido al alto contenido de aminoácidos no presentes en otros cereales. La quinua muestra amplia diversidad de genotipos y silvestres en los alrededores del lago Titicaca. La diversidad genética se expresa en los diferentes colores de panoja, hojas, altura de planta, contenido de saponina, tipo de panoja y calidad de grano. La quinua es una especie de amplia adaptación a diferentes zonas agroecológicas reportándose la existencia de genotipos tolerantes a sequía, heladas, sales, alta calidad alimenticia, y buen potencial de rendimiento. El empleo de la biotecnología moderna está permitiendo una adecuada caracterización genética que contribuirá al desarrollo de variedades mejoradas, por ejemplo con los ISSR marcadores moleculares a nivel de ADN, permitirán diferenciar los genotipos. Las bondades de técnica ISSR las que produce altos niveles de polimorfismo, son reproducibles y útiles para la identificación

en la variación intragenotípica y intergenotípica de diversas especies. En el presente trabajo se empleó 16 accesiones para la caracterización intergenotípica y 5 individuos de cada accesión para la caracterización intragenotípica. Un total de 10 primers generaron 90 bandas polimórficas con un peso molecular promedio de 400 a 3500pb, todos los individuos fueron scoreados y asignados con un valor numérico 1 a la presencia y 0 a la ausencia de bandas. Una matriz de datos fue realizado por el programa NTSYS versión 2.1 usando el coeficiente de similitud Jaccard, el dendograma fue construido usando el método de ligamiento promedio UPGMA. Los datos moleculares agruparon las accesiones en 3 diferentes grupos a un coeficiente de similitud de 0.79, el grupo 1 estuvo conformado por 12 accesiones: 5 de Puno, 3 de Cusco, 3 de Cajamarca y 1 de Arequipa; el grupo dos por 2 accesiones de Ancash y el grupo 3 por 2 accesiones: Puno y Arequipa. El polimorfismo generado por los marcadores ISSR mostró diferentes grados de relaciones genéticas entre las 16 accesiones. Un bajo nivel de variación intragenotípica se evidenció en las accesiones Cajamarca 1, Arequipa1, Ancash2, y Cusco 3 y un alto nivel de variación intragenotípica en las accesiones Cusco 2, Puno 2 y Arequipa 2.

TITULO EN INGLES : MOLECULAR CHARACTERIZATION INTER AND INTRA GENOTYPE OF 16 *CHENOPODIUM QUINOA* (QUINUA) ACCESSIONS BY USING ISSR TECHNIQUE

RESUMEN EN INGLES:

Quinoa is one of the most ancient crops of the Andean culture. This crop was relegated for more than 500 years, compared to other native grains such as kiwicha (*Amaranthus caudatus*) and Cañihua (*Chenopodium pallidicaule*). Actually, quinoa has more importance due to its high agronomic, nutritious and international trading value. Quinoa is used as both, for human food and feed due to the high aminoacids content which are not present in other cereals. Quinoa crop has a broad wide diversity represented as cropping and wild genotypes growing around Titicaca Lake. Genetic diversity is expressed by different colors of the panicle, leaves, plant height, saponine content, type of panicle and grain quality. Quinoa is a specie with broad adaptation to agroecologic zones, with genotypes tolerant to drought, frost, salt, high food quality, and high yield potential. The employment of modern biotechnology allows the genetic characterization for the development improved cultivars, for example ISSR markers of DNA is a tool for differentiation of genotypes. ISSR technique brings high levels of polymorphism, which are reproducibles and useful for the identification of intragenotype and intergenotype variation in many crops. In the current work Sixteen accesions were used for intergenotype characterization and 5 individuals from each accesion for intragenotype characterization. A total of 10 primers generated 90 polymorphic bands between 400 and 3500pb, all fragments were scored and issued with a numeric value of 1 for presence and 0 for absence of bands. A binary matrix was constructed by the NTSYS software v2.1 using the Jaccard similarity coefficient, the dendogram was constructed using el UPGMA average linkage method. Accessions were distributed in 3 groups at the level of similarity coefficient of 0.79. The group 1 included 12 accesions: from Puno (5), Cusco (3), Cajamarca (3) and Arequipa (1) ; group 2 included 2 accesions from Ancash and group 3 included 2 accesions from Puno and Arequipa. The polymorphism generated by the ISSR markers showed different levels of genetic

relationship between the 16 accessions. In conclusion low level of intragenotype variation was found in the accessions from Cajamarca (1), Arequipa (1), Ancash (2), Puno (2) and Cusco (3); and high intragenotype variation in accessions Cusco (2), Puno (2) and Arequipa (2), showing more variability among accessions from southern part of Peruvian highland.

FECHA DE PUBLICACION : 21 / 06 / 2010

NUMERO DE PAGINAS : 88 p.

CIUDAD : La Molina - Lima (Perú)