

UNIVERSIDAD NACIONAL DE SAN ANTONIO ABAD DEL CUSCO

FACULTAD DE CIENCIAS

ESCUELA PROFESIONAL DE BIOLOGÍA



VARIABILIDAD GENÉTICA DE ACCESIONES DE *Lupinus mutabilis* SWEET
MEDIANTE MARCADORES MOLECULARES.

**Tesis presentada por el Bachiller en
Ciencias Biológicas:**

Roberto Fernando Aubert Carreño

**Para optar el Título Profesional de
Biólogo.**

ASESORA:

Mgt. Julia Griselda Muñiz Duran

Co-ASESOR:

Ph. D. Raúl Humberto Blas Sevillano

CUSCO – PERÚ

2017

RESUMEN

Se realizó el análisis de la variabilidad genética de 48 accesiones de *Lupinus mutabilis* Sweet (Tarwi), provenientes del Banco de Germoplasma del Banco de Germoplasma del Centro de Investigación de Cultivos Andinos (CICA), Facultad de Ciencias Agrarias de la Universidad Nacional de San Antonio Abad del Cusco (UNSAAC), que fueron agrupadas en relación al lugar de origen: provenientes de la región Cusco (26 accesiones) y provenientes de lugares distintos a Cusco (22 accesiones); y en relación a la altitud del lugar de procedencia: mayores a 3000 metros de altitud (34 accesiones) y menores a 3000 metros de altitud (14 accesiones).

Para el análisis de la variabilidad genética se utilizaron marcadores moleculares AFLP (Amplified Fragment Length Polymorphism), a partir de concentraciones de ADN que oscilan entre 153.7 a 2768.9 ng/μl (diluidas hasta 50 ng/μl) y calidades dentro de los rangos de 1.8 a 2.0, obtenidas mediante el método del CTAB (Doyle y Doyle, 1990). Posteriormente, se aplicaron los métodos de digestión, ligación, pre-amplificación y amplificación selectiva definiéndose cuatro combinaciones de iniciadores para ser aplicados a toda la población (E33/M50; E35/M48; E33/M31 y E41/M48). El análisis de agrupamiento se realizó mediante el coeficiente de similitud de Simple Matching (SM) y los resultados obtenidos fueron analizados estadísticamente a través del Análisis de Varianza Molecular (AMOVA) mediante la extensión GenAlEx 6.5 para análisis estadístico en Excel (Peakall y Smouse, 2006).

Las combinaciones de primers elegidas generaron un total de 198 bandas con un 33.33% de bandas polimórficas, siendo E33/M50 y E33/M31 las más polimórficas, con el Índice de Contenido Polimórfico (PIC) más elevado (0.24 y 0.22 respectivamente). Las accesiones se agruparon a partir de un nivel de similaridad de 0.68, no evidenciando un agrupamiento diferenciado: ya sea por el lugar de procedencia que, a su vez, para las accesiones provenientes de la región Cusco mostraron una similaridad del 74% y las provenientes de lugares diferentes a la región Cusco mostraron un 66% de similaridad; como por la altitud del lugar del cual provienen las accesiones, mostrando, tanto las provenientes de más de 3000 metros de altitud, como las provenientes de menos de 3000 metros de altitud un 65% de similaridad. El AMOVA corroboró estadísticamente estos resultados, demostrando no haber diferencias genéticas entre las poblaciones, pero existe alta variabilidad genética a nivel intrapoblacional o interaccesiones

Palabras clave: AFLP, *Lupinus mutabilis*, polimorfismo, Simple Matching, variabilidad genética.