

Comparación de la variabilidad genética de tres regiones de ADN cloroplástico y una nuclear en el Ishpingo (*Ocotea quixos*) proveniente de 5 provincias de la Amazonía ecuatoriana.

Por:

Paula Salazar Costa, Germania Karolys, Patricio Rivas Navarrete

Problema de Investigación

El Ecuador posee el 10% de especies de plantas del planeta, se estima que posee 17934 especies de plantas vasculares y que aproximadamente 8200 especies vegetales se encuentran en la Amazonía ecuatoriana (INEC, 2010; MAE, 2010). Durante los últimos años esta vegetación está amenazada por la ampliación de la red vial y accesibilidad, la transformación de ecosistemas, la deforestación, entre otros (MAE, 2010). Causando que las poblaciones se reduzcan sustancialmente provocando una pérdida de la diversidad genética, mientras menor sea esta variabilidad, una población no puede evolucionar en respuesta a cambios en las variables ambientales.

El Ishpingo (*Ocotea quixos*) o canelo Amazónico, ha sido utilizado desde épocas precolombinas por su madera y por sus aceites esenciales que poseen propiedades farmacológicas como: estimulantes, analgésicas, aromáticas, digestivas, antimicrobianas, entre otras (Noriega & Dacarro, 2008), también es utilizado en la preparación de la Colada Morada en el Día de los difuntos (De la Torre, L, Navarrete, H, Muriel, P, Macía, MJ, & Balslev, H, 2008). En el Ecuador la variabilidad genética del Ishpingo se ha visto amenazada por la explotación maderera y cultivares introducidos, siendo necesario estudiar regiones de ADN cloroplástico y nuclear que nos permitan evaluar la variabilidad genética en el Ishpingo (*Ocotea quixos*) en la Amazonía.

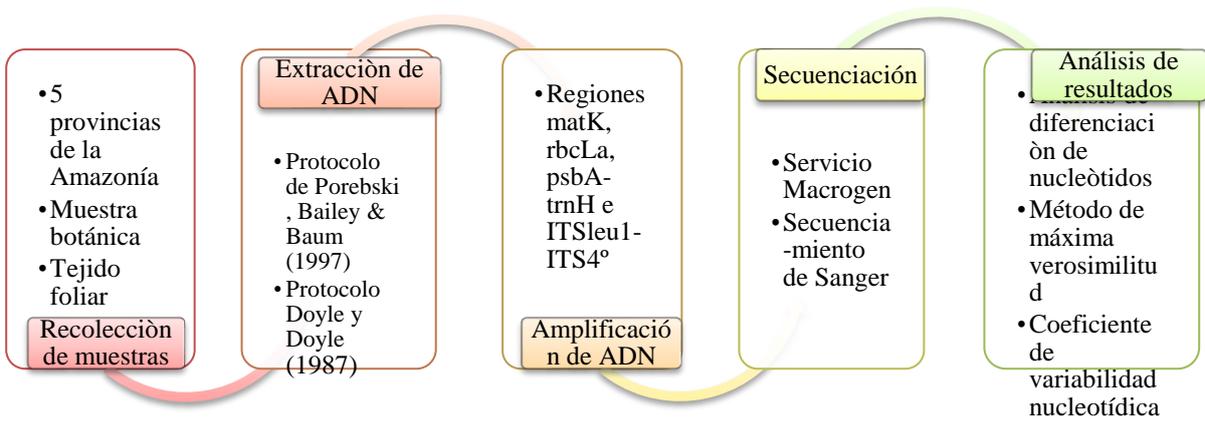
Objetivo General

Comparar la variabilidad genética de tres regiones de ADN cloroplástico y una nuclear en el Ishpingo (*Ocotea quixos*) proveniente de 5 provincias de la Amazonía ecuatoriana.

Objetivos específicos

- Validar un protocolo de extracción y amplificación para plantas con alto contenido de polifenoles.
- Analizar la variabilidad genética por cada región de ADN seleccionada.
- Establecer la región de ADN con mayor variabilidad genética.

Metodología



Resultados

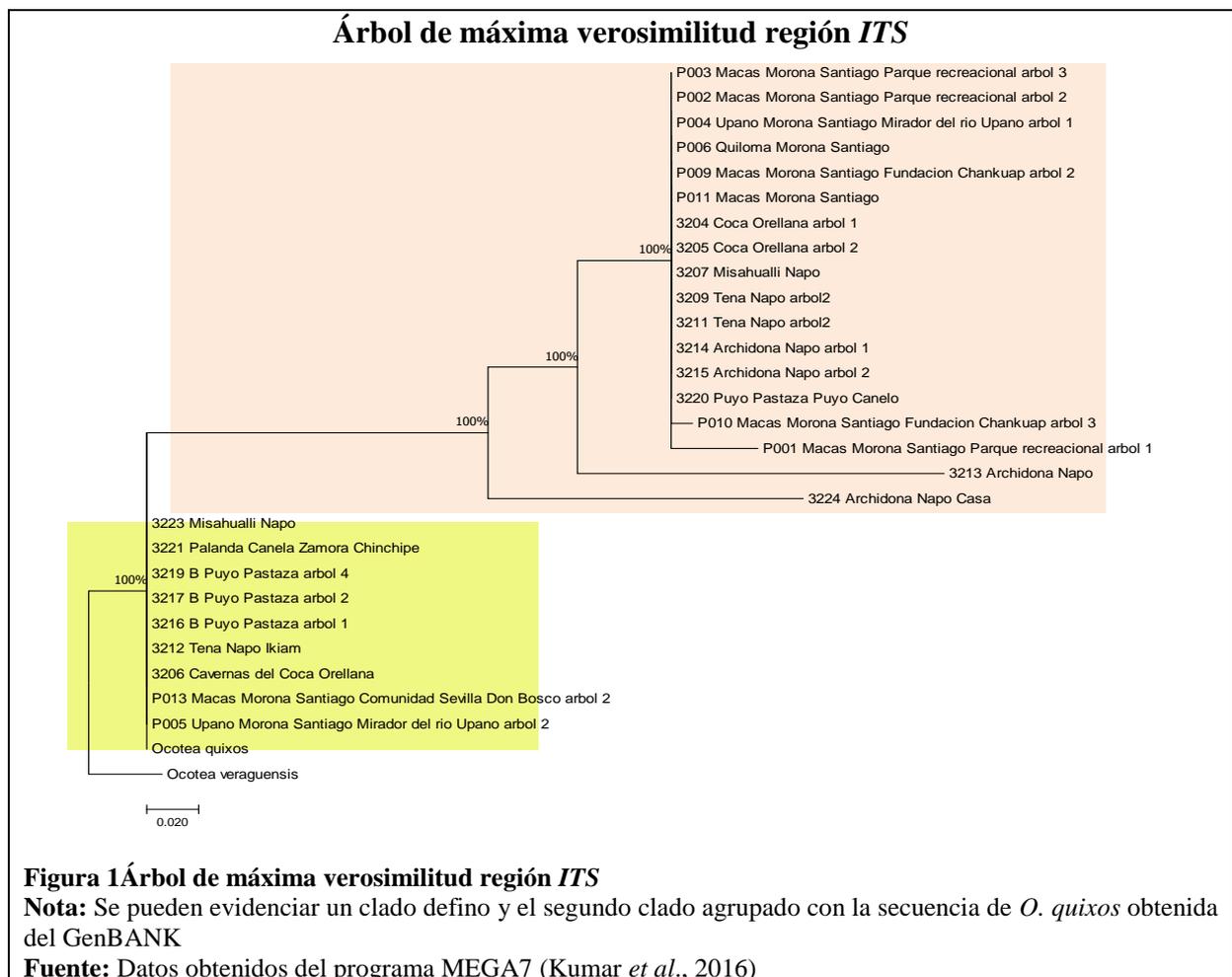
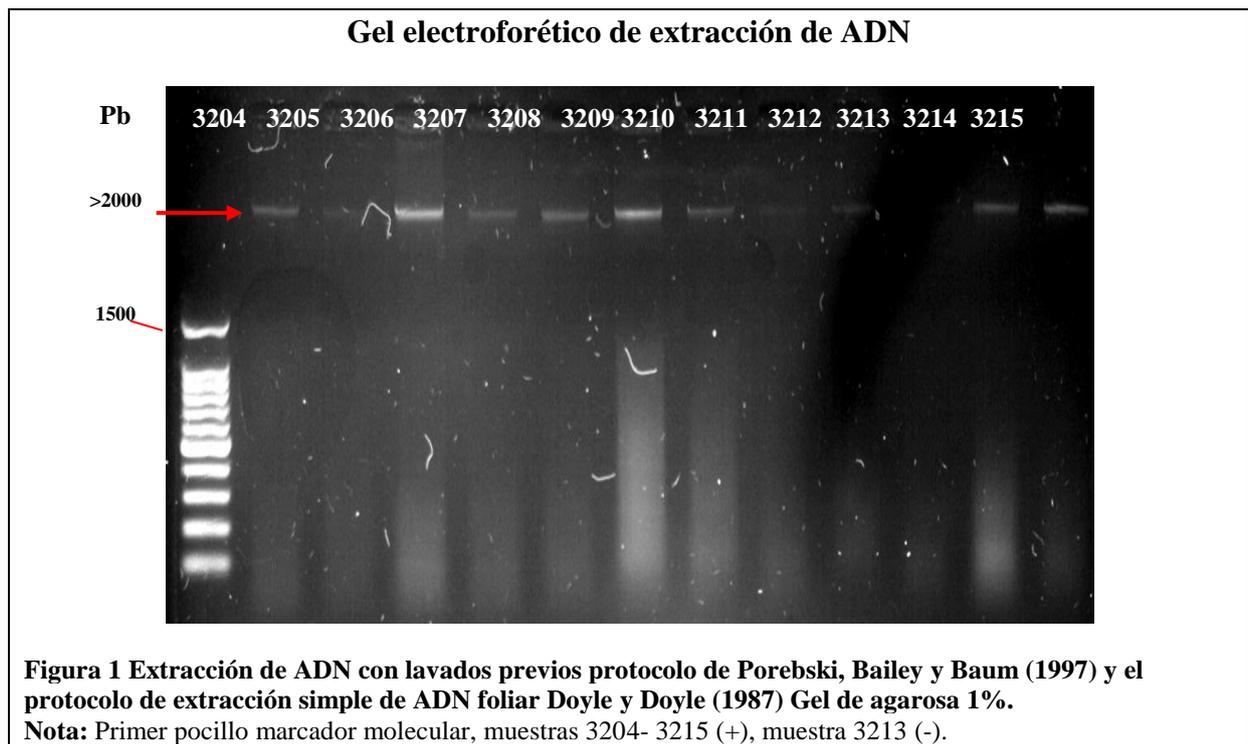


Tabla 1. Comparación de los marcadores moleculares

Regiones de ADN	Muestras ADN	Número de muestras amplificadas	Número de Secuencias consenso obtenidas	Longitud media (pb)	Coefficiente de conservación de secuencias	Número de sitios polimórficos
<i>matK</i>	38	35	32	890.3	0.99	3
<i>RbcLa</i>	38	35	32	613.45	0.99	3
<i>psbA-trnH</i>	38	35	34	535.48	0.952	24
<i>ITS</i>	38	35	28	777.00	0.298	428

Nota: Datos obtenidos del programa MEGA7

Conclusión

Las regiones de ADN *matK*, *rbcLa* y *psbA-trnH* para el estudio de variabilidad genética en *O. quixos* se encuentran muy conservados lo que no permite diferenciar las variaciones nucleotídicas en las secuencias de ADN.

Para estudiar variabilidad genética en poblaciones de *Ocotea quixos* la región de ADN ITS presenta altas tasas de sustitución en los nucleótidos y su nivel de variación secuencial permite identificar la variabilidad genética intrapoblacional. Sin embargo, posee muchos indeles que acumulan errores de secuenciación generando que el resultado de variabilidad nucleotídica aumente.

Como conclusión, el coeficiente de la variabilidad genética obtenido en las regiones de ADN de *Ocotea quixos* es bajo ($\pi= 0-0.1137$), lo que significa que la variabilidad genética de la especie se encuentra amenazada por la deforestación y el cultivo de clones de *Ocotea quixos*.