

“CARACTERIZACIÓN GENÉTICA DE ESCOBA BLANCA Y OTROS CULTIVARES DE SÉSAMO (*Sesamum indicum* L.) DEL PARAGUAY.”:

Delia León^{1,3}, Pastor Perez², Rosa Oviedo de Cristaldo³

delialeon07@gmail.com, paco.squamata@gmail.com, rosa.cristaldo@gmail.com

^{1,3} Centro Multidisciplinario de Investigaciones Tecnológicas, Asunción-Paraguay, ² Facultad de Ciencias Exactas y Naturales- Universidad Nacional de Asunción

Resumen

Escoba Blanca es la variedad más importante de sésamo producida en el país, por lo que garantizar su identidad varietal es fundamental, y para ello se determinó la variabilidad genética por medio de seis marcadores SSR en muestras de Escoba Blanca y otros cultivares como referencias, colectadas de distintos puntos del país. Los datos alélicos fueron sometidos a análisis de distribución (PCoA), agrupamiento (Phylogenetic Networks), estructuración (Structure). Los estadísticos calculados dieron valores de PIC de 0.25 a 0.50, $N_a=3.8$, $H_e=0.23$ y $H_o=0.07$. Los resultados obtenidos sugieren que los marcadores aun siendo medianamente informativos pudieron diferenciar cultivares de Escoba Blanca con los de otras variedades, además de indicar la baja variabilidad genética en ella y un acervo genético único, que la hace una población bien estructurada y diferenciable de otras variedades.

INTRODUCCIÓN

Desde la introducción del sésamo al país (), se han utilizado diversas variedades, muchas de ellas ya fuera de producción hoy en día, sin embargo la variedad Escoba Blanca continúa, debido principalmente a su buen sabor, agradable y dulce, pero debido a la falta de un sistema de producción de semillas certificadas, que obligó a los productores utilizar granos como semillas en sucesivos ciclos de cultivo, ocurrieron mezclas varietales, por lo que para rescatar la variedad como tal, se recurrió a un proceso de depuración y selección durante 2006 y 2007, identificándose cuatro progenies estables, y a partir de ellas se inició el proceso de obtención de semillas puras. Por lo que el presente estudio tuvo como objetivo evaluar la homogeneidad de Escoba Blanca luego de varios años de uso, recurriendo a los marcadores genéticos de tipo microsatélites y utilizando como referencia trabajos de Dixit *et al.* (2005), Endale *et al.* (2010), Young-Il Cho *et al.* (2011), Pham *et al.* (2011), Zhang *et al.* (2013), Wei *et al.* (2014)

MATERIALES Y MÉTODOS

50 muestras fueron colectas de diferentes zonas del país y se organizaron en tres conjuntos de datos o CD, donde CD I fueron todas las muestras, CD II muestras de Escoba Blanca y CD III muestras distintas a Escoba Blanca. La extracción de ADN se realizó con Kit comercial NucleoSpin® Plant IIde Macherey-Nagel, siguiendo la instrucciones del fabricante. Para las condiciones de PCR y los marcadores SSR se utilizó la metodología de Dixit *et al.*, 2005. Se calcularon N_a , N_a efectivos, I , F , H_o , H_e con Genalex 6.5 (Peakal y Smouse, 2012) para CD II y III, y para CD I además de lo mencionado, valores de PIC con MS-Tools (Park, 2001). La estructuración en la población se analizó con Structure 2.2 de Pritchard *et al.* (2000) y con el test de Evanno *et al.* (2005) se determinó el mejor valor de K .

Resultados

Con el Programa Genalex versión 6.5, se calcularon N_a , H_e , H_o , I y F , para los seis marcadores para el grupo de Escoba Blanca (CD II, 38 muestras) comparado con el resto de las muestras (CD III, 12 muestras) ver Tabla 1. El análisis de estructuración se conformaron dos poblaciones o grupos al considerar $K=2$ como el mejor valor de estructuración para la población según el test de Evanno *et al.* (2005), así, cada población indicó un acervo genético diferenciado, representado por colores (lila y verde) ver Figura 2.

Tabla 1. Valores de Estadísticos para los dos grupos Escoba Blanca y las otras variedades.

Estadísticos	Mean	SE	Mean	SE
N_a	3,83	0,79	4,83	0,87
N_e	1,35	0,12	1,74	0,23
I	0,49	0,15	0,73	0,20
H_o	0,07	0,02	0,08	0,03
H_e	0,23	0,07	0,36	0,10
F	0,58	0,14	0,63	0,14
Grupo	Escoba Blanca		Otras variedades	

N_a = No. of Different Alleles
 N_e = No. of Effective Alleles = $1 / (\sum p_i^2)$
 I = Shannon's Information Index = $-1 * \sum (p_i * \ln(p_i))$
 H_e = Observed Heterozygosity = $\sum p_i(1-p_i) / 2$
 H_o = Expected Heterozygosity = $1 - \sum p_i^2$
 F = Fixation Index = $(2N_e - N_e) / N_e = 1 - (N_e / N_a)$
 SE = Standard Error

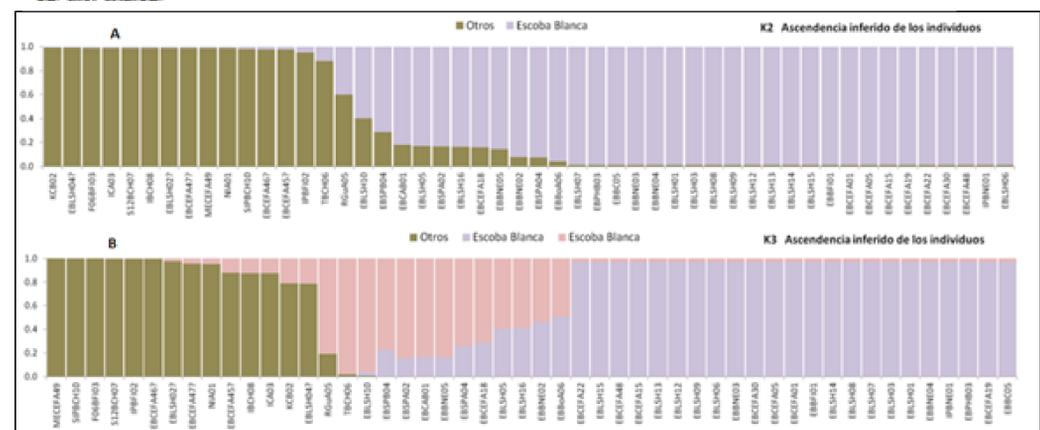


Figura 2. Asignaciones de las muestras al mejor valor de K , A) con dos grupos o acervos genéticos y B) con tres grupos o acervos genéticos.

Conclusiones

Escoba Blanca posee una identidad genética que permite diferenciarla de otras variedades y con un adecuado manejo de selección tanto para la variedad Escoba Blanca como para las otras variedades se podría obtener líneas homocigotas y semillas de calidad con identidad genética y pureza.

Referencias

DIXIT A.; MING-HUA J.; JONG-WOOK C.; JAE-WOONG Y.; HUN-KI C.; KYUNG-HO M.; YONG-JIN P. AND EUN-GI C. 2005. Development of polymorphic microsatellite markers in sesame (*Sesamum indicum* L.) genetic resources division, national institute of agricultural biotechnology, rda, suwon, 441-707. ENDALE D.; GEBRE M. AND HEIKO K. PARZIES. 2010. Genetic variability among landraces of sesame in ethiopia. African crop science journal.19(1): 1 – 13. ISSN 1021-9730/201. PHAM TD, BUI TM, WERLEMARK G, BUI TC, MERKER A, CARLSSON AS. 2009. A study of genetic diversity of sesame (*Sesamum indicum* L.) in vietnam and cambodia estimated by rapid markers. Genet resour crop ev 2009, 56(5):679-690 ZHANG Y.; WANG L.; XIN H.; LI D.; MA CHOUXIAN; DING X.; HONG W.; ZHANG X. 2013. Construction of a high-density genetic map for sesame based on large scale marker development by specific length amplified fragment (SLAF) sequencing. BMC Plant Biology, 13:141 DOI: 10.1186/1471-2229-13-14. ISSN 1471-2229. WEI XIN et al. 2014. Development of simple sequence repeat (SSR) markers of sesame (*Sesamum indicum*) from a genome survey. Molecules ISSN 1420-304

Agradecimientos

Al INBIO, CEMIT, UNA, empresas privadas, cooperativas, técnicos, profesores y compañeros.