

RESUMEN

En los últimos años, la producción de la Teca (*Tectona grandis* L.f), ha incrementado su potencial económico en el Ecuador por la calidad de su madera. Dentro de este contexto, la Subsecretaria de Producción Forestal del MAGAP, la ha considerado como una especie priorizada con fines comerciales. Reflejando esta prioridad nacional, el presente trabajo tuvo como objetivo generar información molecular que permita analizar de diversidad genética de esta especie y sus resultados servirán como base para generar un mejoramiento genético forestal orientado principalmente a la obtención de características en la madera, con el fin de aumentar la productividad y competitividad. Se analizaron 90 accesiones de la colección del Instituto Nacional de Investigaciones Agropecuarias, de las cuales 79 pertenecen a la Estación Experimental Litoral Sur (EELS) y las 11 restantes pertenecen a la Estación Experimental Tropical Pichilingue (EETP). Se obtuvieron los perfiles alélicos con 14 cebadores SSR polimórficos, en los cuales se detectaron 127 alelos en un rango de longitud de 113 pb a 281 pb, con un promedio de 9 alelos/locus. El análisis de conglomerados y el de coordenadas principales permiten observar la formación de dos grupos claramente establecidos que concuerdan con la distribución geográfica. La Estadística F y AMOVA indican que los marcadores moleculares SSR mostraron una ligera diferenciación entre los grupos poblacionales estudiados y gran variabilidad detectada dentro de los mismos.

Palabras Clave:

MARCADOR

MOLECULAR

DIVERSIDAD GÉNÉTICA

TECA

SSR

ABSTRACT

In the last years, Teak's production has increased due to the wood quality in Ecuador, generating a good economic business. In this context, the Government Institution MAGAP has prioritize this species with an economic value. As a result, this study had the goal to generate molecular data of Teak for genetic diversity analyses. The results can be used as a basis information for genetic improvement oriented to wood features and increase of productivity and competitively in Ecuador. Ninety accessions were collected from the Instituto Nacional de Investigaciones Agropecuarias collections. Seventy nine belong to the Estacion Experimental Litoral Sur (EELS) and the remaining 11 to the Estacion Experimental Tropical Pichilingue (EETP). Allele profiles were obtained with 14 polymorphic SSR primers, 127 alleles were detected from 113 bp to 281 bp, with an average of 9 alleles / locus. The cluster and PCA analyses generated two clearly groups that are consistent with the geographical distribution. Statistical F and AMOVA indicate that the molecular markers SSR showed a slight differentiation between the population groups and great variability detected within them.

Keywords:

MARKERS

MOLECULAR

GENETIC DIVERSITY

TEAK

SSR