

clave de identificación específica para hongos micorrízicos en orquídeas, uno de los hongos presentes en los cultivos podría pertenecer al género *Sistotrema*. Una determinación específica, sin lugar a dudas, debe asegurarse mediante pruebas moleculares.

CONCLUSIONES

En *Gavilea araucana* se constató la presencia de una asociación endomicorrízica, ya que en raíces maduras se observaron hifas septadas a nivel de células corticales.

Los ovillos de hifas, se presentan tanto, en las capas rizodérmicas (estrato epidérmico radical) como, en las células parenquimatosas del cilindro

cortical, siempre en ubicación intracelular, como pequeñas estructuras globosas, que según la época del año, se presentan compactas o digeridas, por las células radicales.

Es posible aislar hongos micorrízicos desde pelotones individuales, provenientes de raíces de *G. araucana*.

REFERENCIAS

- BRUNDRETT, M.; RAMSAY, M.; TAYLOR, R.; DIXON, B.; BATTY, A. 2001. Orchid Conservation Techniques Manual. First International Orchid Conservation Congress. Training course. 113 p.
- STEUBING, L.; GODOY, R.; ALBERDI, M. 2002. Métodos de Ecología Vegetal. Santiago, Chile, Ed. Universitaria. 345 p.

Agro Sur 35 (2): 69-71 2007

DIVERSIDAD GENÉTICA DE CULTIVARES DE *Lapageria rosea* DETERMINADA A TRAVÉS DE MARCADORES MOLECULARES DEL TIPO ISSR

GENETIC DIVERSITY OF *Lapageria rosea* CULTIVARS DETERMINED BY MOLECULAR ISSR TYPE MARKERS

Hoffens, K. y Riegel R.

Instituto de Producción y Sanidad Vegetal, Universidad Austral de Chile.

Casilla 567, Valdivia, Chile

E-mail: karin@hoffens.cl

INTRODUCCIÓN

El copihue es una especie monocotiledónea endémica de Chile perteneciente a la familia Philesiaceae y al género *Lapageria*, siendo *Lapageria rosea* la única especie de este género (Martínez, 1985). *Lapageria rosea* posee un gran potencial ornamental, siendo necesario su mejoramiento y la creación de nuevos cultivares de manera de darle un mayor valor a este material genético nativo, abriendo la posibilidad de registrar y proteger los cultivares obtenidos producto de tal mejoramiento.

El conocimiento de la diversidad genética existente en copihue es una información previa

y básica para el establecimiento de programas de mejoramiento genético en esta especie, ya que ésta es necesaria para dirigir el proceso de mejora genética por selección de caracteres (Nuez *et al.*, 2000). Además, el conocimiento de la diversidad genética facilita la identificación de accesiones que permitan conservar la riqueza genética y seleccionar individuos genéticamente distintos para optimizar la heterosis en cruzamientos dirigidos (Qiu *et al.*, 1995).

En Chile se han realizado iniciativas destinadas a establecer programas de mejoramiento genético de copihue y nuevas tecnologías para su producción. Es así como el vivero perteneciente al Instituto Agrícola el Vergel de

Angol ha obtenido, tras largos años de trabajo, aproximadamente 20 cultivares de copihue. Sin embargo, aún no se han realizado estudios moleculares en esta especie, por lo que no se sabe cuánto de su potencial genético se está efectivamente utilizando.

Es por ello que el objetivo de este estudio es la determinación de la diversidad genética de un grupo de 16 cultivares de copihue provenientes del Vivero El Vergel de Angol de manera de generar la información básica necesaria para establecer programas de mejoramiento utilizando el máximo potencial genético disponible.

MATERIALES Y MÉTODOS

Para realizar el presente estudio se trabajó con material proveniente de 16 cultivares de copihue del Vivero el Vergel de Angol. La extracción de ADN se realizó a partir de hojas nuevas de copihue. El método a usar para la extracción total de ADN fue aquel originalmente descrito por Murray y Thompson (1980) y modificado por Doyle y Doyle (1990).

La amplificación de ADN se realizó mediante los marcadores moleculares del tipo "Inter Simple Sequence Repeats" (ISSR): ISSR 29, ISSR 27, ISSR32, ISSR GAC, ISSR 825, ISSR

834 y ISSR 826 mediante reacciones PCR (reacción en cadena de la polimerasa) en un termociclador PTC-1196 de MJ Research.

El análisis de los datos se realizó a partir de la evaluación de los fragmentos obtenidos con un 1 y un 0 dependiendo de su presencia o ausencia en la accesión respectiva. Los parámetros evaluados fueron; número y porcentaje de fragmentos polimórficos, número alelos por locus (na), número efectivo de alelos por locus (ne), diversidad genética (H), distancia genética entre cultivares, relaciones genéticas de los cultivares a través de un dendograma.

RESULTADOS

El número y porcentaje de fragmentos polimórficos fue de 37 y 78,7% respectivamente. El número de alelos por locus fue de 1,78 y el número efectivo de alelos por locus fue de 1,47. La diversidad genética presente en el grupo de cultivares fue de 0,27.

En relación a las distancias genéticas entre cultivares; los cultivares Colcopiu y el Vergel son los que presentan la mayor distancia genética entre sí con un valor de 0,67 y los cultivares Ongol y Malleco no presentan distancia genética entre sí. En la Figura 1 se observa la relación genética de los cultivares mediante un dendograma.

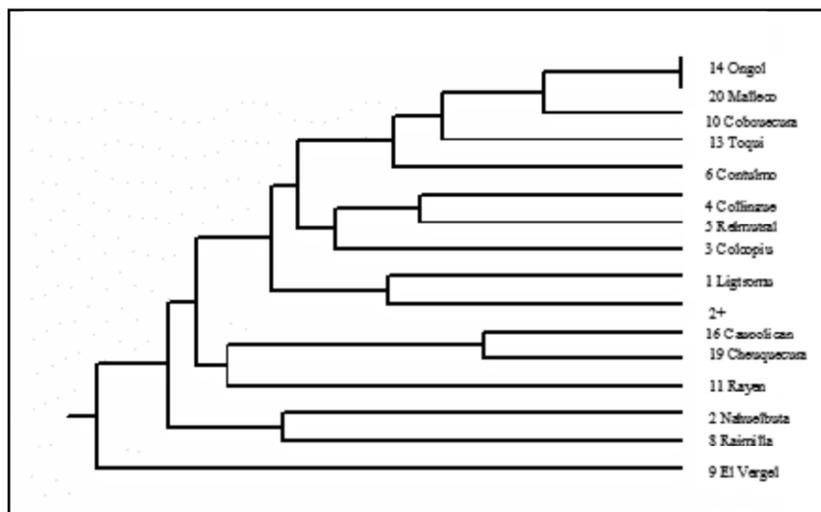


Figura 1 Dendograma de cultivares basado en distancias genéticas de Nei.

Figure 1. Dendogram of cultivars based on genetic distances of Nei

CONCLUSIONES

Los cultivares presentaron una alta diversidad genética entre ellos, lo que indicaría que este germoplasma presenta un gran potencial para continuar con programas de cruce y selección.

Los cultivares genéticamente más distintos entre sí son el cultivar Colcopiu y el Vergel y a los cultivares Ongol y Malleco no fue posible diferenciarlos genéticamente mediante los marcadores moleculares utilizados.