



SELECCIÓN DE MARCADORES ITAP PARA LA CARACTERIZACIÓN MOLECULAR DE CACAO

PABLO LOPEZ GOMEZ¹, CARLOS HUGO AVENDAÑO ARRAZATE¹, LEOBARDO IRACHETA DONJUAN¹, BIAANI BEEU MARTINEZ VALENCIA¹ y MARIA DEL CARMEN OJEDA ZACARÍAS²

1 Instituto Nacional de Investigaciones Forestales Agrícolas y Pecuarias, 2 Universidad Autónoma de Nuevo León.
lopez.pablo@inifap.gob.mx

El cultivo de cacao (*Theobroma cacao* L.) en México, enfrenta diversos problemas provocado principalmente por la edad avanzada de las plantaciones y la presencia de enfermedades, como la moniliasis. Dada la problemática que enfrenta el cultivo, resulta necesario continuar con acciones de control, dentro de los cuales el control genético es una de las vías para hacer frente a esta enfermedad. La aplicación de las herramientas biotecnológicas como los marcadores moleculares en los procesos de selección constituyen una alternativa eficaz para este fin. En este trabajo se seleccionaron iniciadores basados en polimorfismo amplificado relacionado a intrones (ITAP), para la caracterización molecular de cacao. Con ADN genómico de los genotipos Carmelo, Lagarto, PMCT58, CATIER1 y CATIER6, se evaluaron 51 combinaciones ITAP por PCR. Para analizar el polimorfismo, las bandas ITAP de igual tamaño y movilidad generadas por la misma combinación para los genotipos evaluados se trataron como idénticas para ese locus. Se registró la ausencia (0) / presencia (1) de bandas para cada locus y con ello se generó una matriz binaria. Con la matriz se calculó la similitud genética de Jaccard. Con los valores de similitud se generó un dendograma mediante el procedimiento de promedios de grupos no ponderados (UPGMA). Se generaron 931 bandas, de las cuales 649 son polimórficas. El polimorfismo promedio fue de 69 %, el contenido de información polimórfica promedio fue de 0.27 y el poder de resolución por combinación de iniciadores fue de 7.5 en promedio. Los genotipos con mayor similitud (0.73) se observó entre el CATIER1 y CATIER6, mientras que el más distante fue el PMCT58 con respecto al resto de los genotipos. El análisis individual generado por cada combinación permitió se sugieren diez combinaciones ITAP, los cuales serán útiles para la caracterización molecular de cacao.