

DIVERSIDAD GENETICA DE *LUPINUS MONTANUS* (FABACEAE)

Maxime Ferval¹, Céline Pélissier¹, Charles Gers¹, Luc Legal¹, Kalina Bermúdez Torres²

¹ *ECOLAB, Université Paul Sabatier/CNRS, 118, Route de Narbonne. F-31062 Toulouse cedex 4 France. Toulouse, Francia,* ² *Centro de Desarrollo de Productos Bióticos. Instituto Politécnico Nacional. Apartado Postal 24. Yautepec, Morelos. México. C.P. 62731. Email: kbermudes@ipn.mx, kbermud@hotmail.com*

Introducción

México y América Central se consideran centro secundario de dispersión del género *Lupinus* (Fabaceae). Se han reportado entre 60 - 100 especies creciendo a altitudes entre los 2000 y 4000 m sobre el nivel del mar (msnm), siendo las cadenas montañosas, específicamente los masivos volcánicos los centros de distribución. Para el presente estudio se utilizó como especie modelo *Lupinus montanus*, la cual crece a altitudes entre 2500 y 4000 m snm y se distribuye a lo largo del eje volcánico transversal, presentándose algunas poblaciones aisladas desde el estado de Chihuahua hasta Guatemala. Esta especie es probablemente un complejo de especies.

Metodología

Se realizaron colectas de ejemplares de herbario (3 por cada población evaluada) así como 1 hoja e 30 individuos de cada población para los estudios genético. Se analizaron 15 poblaciones de *L. montanus* creciendo a lo largo del eje volcánico transversal, del Nevado de Colima, en el oeste al Pico de Orizaba en el este, incluyendo el Parque Nacional Izta Popo, así como del estado de Oaxaca. Para realizar la separación de las poblaciones, se utilizaron los marcadores hipervariables conocidos como ISSR. Se compararon los resultados con los obtenidos a través de secuencias de genes nucleares.

Resultados

Los resultados muestran que los ISSR nos dan mucho más información que las secuencias (hasta 20X más). Ambas metodologías lograron separar consistentemente las poblaciones analizadas, aún y cuando estas estuvieran geográficamente cerca, evidenciando que cada población puede ser considerada como una unidad genética independiente.

Se observó que entre poblaciones geográficamente lejanas pero morfológicamente idénticas se encontraron más variaciones genéticas que entre dos poblaciones geográficamente cercanas pero morfológicamente diferentes.

Conclusiones

Ambos métodos, ISSR y secuenciación de genes nucleares, pueden ser utilizados para analizar la diversidad genética en poblaciones de *L. montanus*. Sin embargo, los ISSR son más resolutivos. Poblaciones morfológicamente idénticas presentan variaciones genéticas importantes, mientras otras morfológicamente diferentes presentan mayor similitud genética. ¿La morfología de *L. montanus* no sigue patrones genéticos??

Bibliografía

Ferval M, Legal L, Gers C, Pélissier C, Winterton P, Sánchez López JA, Corona Rangel ML and Bermúdez-Torres K. (2013) *Published on line in: Turkish Journal of Botany.*

Ferval M, Bermúdez-Torres K, Gers C and Legal L. (2013) *Published on line in: South African Journal of Botany.*