

PONTIFICIA UNIVERSIDAD CATÓLICA DEL ECUADOR

SEDE IBARRA

PUCE - SI

ESCUELA DE CIENCIAS AGRÍCOLAS Y AMBIENTALES

E.C.A.A.

INFORME FINAL DE TESIS PREVIO A LA OPTENCIÓN DEL TÍTULO DE
INGENIERÍA AGROPECUARIA

TÍTULO:

"CARACTERIZACIÓN MOLECULAR DE LA COLECCIÓN DE AJIES
(*Capsicum spp.*) y CALABAZAS (*Cucurbita spp.*) DEL BANCO DE
GERMOPLASMA DEL INSTITUTO NACIONAL AUTÓNOMO DE
INVESTIGACIONES AGROPECUARIAS (INIAP), ECUADOR."

AUTORA:

Diana M. Farinango Cervantes

CODIRECTORES:

Ing. César Tapia
Biol. Gabriela Piedra
Eduardo Morillo, PhD

ASESOR:

Biol. Galo Pabón.

IBARRA- 2007

RESUMEN

Esta investigación que consta de dos partes fue desarrollada en el Departamento Nacional de Recursos Filogenéticos y Biotecnología (DENAREF) del INIAP. La primera parte se centra a la caracterización molecular de 71 accesiones de ají (*Capsicum spp*), en cambio en la segunda se caracteriza a 25 accesiones de calabazas (*Cucurbita spp*).

Se utilizaron cuatro análisis, análisis de agrupamiento (UPGMA), análisis de coordenadas principales (PCO), bootstrap, y análisis de varianza molecular (AMOVA). Los resultados más sobresalientes son: para ají, el análisis UPGMA determinó 5 grupos sugiriendo una estrecha relación genética entre las 6 especies, así también el análisis PCO determinó 5 grupos donde a demás identificó al ecu 2261 como una mezcla varietal entre las especies *C. annum* y *C. chinense*, al igual que al ecu 12846 como otra mezcla varietal de las especies *C. annum* y *C. baccatum*; por otra parte el análisis bootstrap determinó la robustez estadística de los ecos 5429, 5444, 5445, 5462, 5463, 5371 de la especie *C. annum* con un valor de 81%; el análisis AMOVA determinó que un 23% de la varianza aporta a la diferenciación de las 5 especies analizadas, mientras que el 77% aporta a la diversidad intraespecífica. Los resultados para calabazas son: el análisis UPGMA determinó 4 grupos sugiriendo una diferenciación genética entre las especies analizadas, el análisis PCO determinó 3 grupos donde se observa una significativa diferencia a nivel molecular de cada una de las especies, el análisis bootstrap determinó una robustez estadística de la especie *C. pepo* con un valor de 72%, por último el análisis AMOVA determinó que un 38% de la varianza aporta a la diferenciación de las 3 especies, mientras que el 62% aporta a la diversidad intraespecífica.

Palabras Claves: UPGMA, PCO, Bootstrap, AMOVA.

ABSTRACT

This research consisting in two parts was carried out at the National Department of Phylogenetic Resources and Biotechnology (DENAREF) of INIAP. The first part was focussed on the molecular characterization of 71 assents of red hot chilli pepper (*Capsicum* spp.), and in the second one 25 assents of pumpkins (*Cucurbita* spp.) were characterized.

Four kinds of analysis were used, grouping analysis (UPGMA), main coordinates analysis (PCO), bootstrap and molecular varieties analysis (AMOVA). The most outstanding results were: for red hot chilli pepper, the analysis UPGMA determined 5 groups suggesting a narrow genetic relationship between the 6 species, as well as the analysis PCO determined 5 groups where ecu 2261 as a mixture of several kinds of varieties was identified between the species *C. annum* and *C. chinense*, as well as ecu 12846 as a mixture of varieties of the species *C. annum* and *C. baccatum*. On the other hand, the bootstrap analysis determined the statistic robustness of the ecus 5429, 5444, 5445, 5462, 5463, 5371 and the species *C. annum* with the value 81%. The AMOVA analysis determined that 23% of the kinds of varieties contribute to the differentiation of the 5 analysed species, while 77% contributes to the intraspecific diversity. The result for pumpkins are: the UPGMA analysis determined 4 groups suggesting a genetic differentiation between the analysed species, PCO analysis determined 3 groups where a notable difference at a molecular level of each of the species is observed, the bootstrap analysis determined a statistic robustness of the species *C. pepo* with the value 72%, and finally the AMOVA analysis determined that 38% of the variety contributes to the differentiation of the 3 species, while 62% are contributed by the intraspecific diversity.