



**ESPE**  
UNIVERSIDAD DE LAS FUERZAS ARMADAS  
INNOVACIÓN PARA LA EXCELENCIA

**DEPARTAMENTO DE CIENCIAS DE LA VIDA  
Y DE LA AGRICULTURA**

**CARRERA DE INGENIERÍA EN BIOTECNOLOGÍA**

**TESIS PREVIO A LA OBTENCIÓN DEL TÍTULO DE  
INGENIERA EN BIOTECNOLOGÍA**

**TEMA: ESTUDIO DE LA DIVERSIDAD GENÉTICA DE  
POBLACIONES DE GUAYACÁN SABANERO (*Tabebuia  
billbergii*) DE BOSQUES SECOS DEL ECUADOR**

**AUTOR: RUEDA CÓRDOVA, ANA ELIZABETH**

**DIRECTORA: M.Sc. JADÁN, MÓNICA**

**CODIRECTOR: ING. TAIPE, MARCO**

**SANGOLQUÍ, JULIO 2015**

## RESUMEN

Los bosques secos del Ecuador se caracterizan por la presencia de los guayacanes sabaneros en especial de la especie endémica *Tabebuia billbergii*, conocida como guayacán parquetero o “madero negro”, la cual es considerada de gran importancia en el ámbito forestal, ambiental e incluso actualmente turístico. En el país no existen estudios de caracterización molecular que sirvan para aclarar las interrogantes sobre la variabilidad genética del guayacán. Por ende, en esta investigación se emplearon 10 marcadores moleculares (ISSR) para el estudio de la diversidad genética de 214 muestras de *Tabebuia billbergii* recolectadas en las provincias de El Oro, Guayas y Loja. En el análisis molecular se detectaron 49 alelos con un promedio de 4.9 alelos/loci, en un rango desde 430 pb hasta 2105 pb. Se determinó el contenido de información polimórfica (PIC) y la heterocigosidad esperada en la población obteniendo un valor promedio de 0.46 y 0.50 respectivamente. Además, la población de Mangahurco (Loja) presentó el mayor porcentaje de polimorfismo o diversidad alélica con el 100 %, mientras que la población La Cuca (El Oro) presentó el menor porcentaje de polimorfismo que fue de 61.22%. También se determinó mediante el análisis de agrupamiento UPGMA y el análisis de coordenadas principales (ACoP), que los individuos se distribuyeron indistintamente y no de acuerdo a su distribución geográfica, sino por características genotípicas que presentó la especie *T. billbergii*. Al utilizar el análisis molecular de varianza, se determinó que la diversidad genética se distribuye en mayor proporción dentro de cada población obteniendo el (89%,  $\Phi_{st} = 0.112$ ).

### PALABRAS CLAVES:

- ❖ **DIVERSIDAD GENÉTICA**
- ❖ **TABEBUIA BILLBERGII**
- ❖ **GUAYACÁN**
- ❖ **ISSR**

## SUMMARY

The dry forests of Ecuador are characterized by the presence of sabaneros guayacanes especially the endemic species *Tabebuia billbergii*, known as parquetero guayacán or "black tree", which is considered of great importance in forestry area, environmental and even today tourism. In the country there are no molecular characterization studies that serve to clarify questions about the genetic variability of guayacán. Therefore, in this investigation 10 molecular markers (ISSR) were used to study the genetic diversity of 214 samples of *Tabebuia billbergii* collected in the provinces of El Oro, Guayas and Loja. In molecular analysis were detected 49 alleles averaging 4.9 alleles / loci, ranging from 430 bp to 2105 bp. Polymorphic information content (PIC) and expected heterozygosity in the population was determined by obtaining an average value of 0.46 and 0.50 respectively. In addition, the population of Mangahurco (Loja) had the highest percentage of polymorphism or allelic diversity with 100%, while the population La Cuca (El Oro) had the lowest percentage of polymorphism was 61.22%. It was also determined by cluster analysis (UPGMA) and principal coordinate analysis (ACoP), individuals were distributed equally and not according to their geographical distribution, but by genotypic characteristics that submitted the species *T. billbergii*. By using the molecular analysis of variance, it was determined that genetic diversity is distributed in greater proportion within each population getting the (89%,  $\Phi_{st} = 0.112$ ).

### KEYWORDS:

- ❖ GENETIC DIVERSITY
- ❖ *TABEBULA BILLBERGII*
- ❖ GUAYACAN
- ❖ ISSR