



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

**TRABAJO DE TITULACIÓN PREVIO A LA OBTENCIÓN DEL
TÍTULO DE INGENIERÍA EN BIOTECNOLOGÍA**

TEMA:

**“Análisis comparativo de la variabilidad genética de genotipos
componentes de variedades mezcla de fréjol de Cotacachi y Saraguro en
los ciclos de cultivo 2009 y 2015”**

AUTOR: JÁCOME NAVARRETE, JUAN CARLOS

DIRECTORA: SEGOVIA SALCEDO, MARÍA CLAUDIA, PhD.

SANGOLQUÍ, 2017

RESUMEN

La caracterización de la diversidad genética de *Phaseolus vulgaris* es útil para su utilización efectiva en programas de conservación o mejoramiento. En Ecuador, específicamente en las comunidades de Cotacachi y Saraguro, el fréjol se cultiva en mezclas de fenotipos que da lugar a un gran número de accesiones locales. El objetivo de esta investigación fue evaluar la diversidad genética de genotipos presentes en la mezcla en comunidades seleccionadas de Cotacachi y Saraguro en el 2015 con 9 marcadores SSR y hacer una comparación con los parámetros de diversidad obtenidos a partir de datos de 2009 en las mismas comunidades (Torres, 2012). También con 11 accesiones diferenciales mesoamericanas se intentó verificar los alelos mesoamericanos presentes en accesiones de Cotacachi y Saraguro con los mismos 9 marcadores SSR. El valor promedio de PIC observado fue 0.611 Cotacachi 2015, 0.605 Saraguro 2015, 0.752 Cotacachi 2009 y 0.770 Saraguro 2009. Y la heterocigosidad esperada fue 0.061 Cotacachi 2015, 0.105 Saraguro 2015, 0.112 Cotacachi 2009 y 0.08 Saraguro 2009. El modelo basado en STRCUTURE en dio como resultado 3 subpoblaciones en el 2015 que corresponde a 2 grupos en Cotacachi y 1 grupo en Saraguro. También encontramos una mayor diferenciación entre las poblaciones de 2009 y 2015 que entre las poblaciones de las comunidades de Cotacachi y Saraguro. Por último, el porcentaje de accesiones con alelos mesoamericanos en más de 2 marcadores fue del 2,56% en 2015 y del 8,88% en 2009. Estos hallazgos tienen implicaciones importantes en el cultivo de fréjol así como programas de conservación y proporcionan evidencia sobre el origen de *Phaseolus vulgaris*.

ABSTRACT

Characterization of genetic diversity of *Phaseolus vulgaris* is useful for its effective utilization in conservation or breeding programs. In Ecuador, specifically in communities of Cotacachi and Saraguro, the common beans are cultivated in mixtures of phenotypes giving rise to large number of local accessions. The objective of this research was to evaluate the gene diversity of genotypes presents in the mixture in selected communities of Cotacachi and Saraguro in 2015 whit 9 SSR markers and do a comparison with the parameters of diversity obtained from data of 2009 in the same communities (Torres, 2012). Also with 11 mesoamerican differential accessions I was tried to verify mesoamerican alleles present in accessions of Cotacachi and Saraguro whit the same SSR markers. The average PIC value observed was 0.611 Cotacachi 2015, 0.605 Saraguro 2015, 0.752 Cotacachi 2009 and 0,770 Saraguro 2009. And the expect heterozygosity was 0.061 Cotacachi 2015, 0.105 Saraguro 2015, 0.112 Cotacachi 2009 and 0.08 Saraguro 2009. The model-based STRUCTURE identified 3 sub-populations in 2015 which corresponds to 2 clusters in Cotacachi and 1 cluster in Saraguro. We found a greater differentiation between the populations of 2009 and 2015 than between the populations of the communities of Cotacachi and Saraguro. Finally, the percentage of accessions with mesoamerican alleles in more than 2 markers was 2.56% in 2015 and 8.88% in 2009. These findings have important implications in common bean breeding as well as conservation programs and provide evidence about the origin of *Phaseolus vulgaris*.