

PONTIFICIA UNIVERSIDAD CATÓLICA DEL ECUADOR

SEDE IBARRA

PUCE - SI

ESCUELA DE CIENCIAS AGRÍCOLAS Y AMBIENTALES

E.C.A.A.

INFORME FINAL DE TESIS

**TÍTULO:**

**"CARACTERIZACIÓN MORFOAGRONÓMICA Y MOLECULAR DE LA  
COLECCIÓN DE TOMATE DE ÁRBOL (*Cyphomandra betacea*  
Sendt) DEL BANCO DE GERMOPLASMA DEL INIAP, ECUADOR"**

PREVIA OBTENCIÓN DEL TÍTULO DE INGENIERA AGROPECUARIA

**AUTORAS:** CHALAMPUENTE DORIS

PRADO PRISCILA

**ASESOR:** BIÓL. GALO PABÓN

**IBARRA - 2005**

## RESUMEN

Este estudio se realizó en dos etapas, la primera etapa correspondiente a campo se desarrolló en la granja de la UNORCAC-Cotacachi, y la segunda etapa se llevó a cabo en el Laboratorio de Biotecnología del DENAREF – INIAP.

Se caracterizó 37 accesiones que fueron colectadas en la Sierra ecuatoriana, se utilizó 48 descriptores morfoagronómicos que fueron analizados con el paquete estadístico SAS, obteniendo una matriz de distancias genéticas a través del algoritmo de Gower, que analizadas con el agrupamiento jerárquico de Ward generó un dendrograma conformado por tres grupos principales de accesiones y siete morfotipos, observando una estrecha relación genética entre cada una de las accesiones. Para la caracterización molecular se empleó la técnica RAPDs, obteniendo 37 polimorfismos analizados en el programa estadístico NTSYS, que mediante el coeficiente de Jaccard se calculó la matriz de similitud para las accesiones, generando mediante el agrupamiento jerárquico de Ward un dendrograma en el que no se observó un agrupamiento definido de las accesiones, debido a que el número de polimorfismos evaluados no fue el adecuado para esta especie.

El resultado de la correlación entre datos morfoagronómicos y moleculares no fue significativo en el presente estudio; por lo que los datos de campo fueron los que permitieron identificar la estrecha relación genética de las entradas de la colección de tomate de árbol, siendo necesario el uso de otras técnicas moleculares más sensibles que permitan detectar esta baja variabilidad.

Se identificó posibles materiales promisorios con características deseables de producción y tolerancia a plagas y enfermedades, con los que se podrá iniciar programas de fitomejoramiento.

## ABSTRACT

This research was performed in two stages, the first one, related to the ground investigation, was conducted in UNORCAC-Cotacachi farm; and the second stage in the DENAREF-INIAP Biotechnology Laboratory.

They were characterized 37 accessions collected throughout the Ecuadorian Sierra area. It was used 48 morphoagronomical descriptors that were analyzed with the statistical package SAS, in order to obtain a genetic distances matrix through the Gower logarithm. They were analyzed using the hierarchical grouping of Ward obtaining a phenogram constituted by three main groups of accessions and seven morphotypes, which revealed an extremely close genetic relation among each one of the accessions. To carry out the molecular characterization it was used the RAPDs technique, obtaining 37 polymorphisms. They were analyzed using the NTSYS statistical program. It applies the Jaccard coefficient in order to get the similarity matrix for the accessions. Besides, it was generated a phenogram through the hierarchical grouping of Ward, where it was not observed the accessions defined grouping due to the number of polymorphisms evaluated was not the appropriate for this specie.

The result of the correlation between morphoagronomical and molecular data was not significant in this research. Because of this, the ground data allowed the identifying process of the close genetic relation of the tree tomato collection entrances, being necessary the usage of other molecular techniques more sensitive and able to detect this reduced variability.

It was also identified possible promising germplasm with desirable characteristics of production and resistance to plagues and diseases, which will be helpful to initiate programs of fito-improvement.

