



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 INGENIERO
BIOTECNOLOGÍA**

AUTOR: PAREDES GAVIDIA, DIANA ELIZABETH

**TEMA: RECOLECCIÓN Y CARACTERIZACIÓN MORFOLÓGICA Y
MOLECULAR DE LA COLECCIÓN NACIONAL DE CAMOTE
(*Ipomoea batata* (L.) Lam.)**

DIRECTOR: Dra. Ayala Navarrete, Ligia

CODIRECTOR: Ing.-Mat. Romero Saker, Pedro

SANGOLQUÍ, JULIO 2014

RESUMEN

El camote es un producto altamente competitivo frente a otros cultivos, por su alta calidad nutricional y su importancia en la alimentación humana y animal. Sin embargo a pesar de su gran potencial y su amplia adaptabilidad, en los últimos años se ha reportado una alta erosión genética del germoplasma de camote sobretodo en América Latina y el Caribe. El Ecuador, ha sido catalogado como un centro secundario de diversidad del camote, sin embargo en el país no existen estudios de caracterización que sirvan para dilucidar las interrogantes sobre la variabilidad genética del cultivo. Por ende, en esta investigación empleando marcadores morfológicos y moleculares (microsatélites) se estudió la diversidad de 368 accesiones de camote (*Ipomoea batata* L.) recolectadas en 18 provincias del Ecuador. Los resultados de la caracterización morfológica a partir del análisis de conglomerados muestran la formación de siete grupos que comparten características morfológicas similares y se estableció que las variables útiles para la descripción del germoplasma ($p < .001$) son la coloración, la forma y los defectos de la raíz reservante, además de la forma del perfil y forma del lóbulo en las hojas. En la caracterización molecular usando ocho marcadores microsatélites se detectaron 89 alelos, con un promedio de 11.12 alelos por locus y un promedio de polimorfismo de $PIC = .848$. Al utilizar el análisis molecular de varianza, la distancia de Nei (1979) y el análisis de coordenadas principales, se determinó la formación de 4 grupos genéticos, donde la varianza se distribuye en mayor proporción dentro de cada población (89%, $p \geq 0.010$). Los resultados del análisis morfológico como el molecular, no mostraron la formación de ningún grupo definido de acuerdo a una provincia, este tipo de acontecimientos ocurren principalmente por los sistemas de intercambio que mantienen los agricultores; además la alta diversidad encontrada en este estudio está relacionada con el sistema reproductivo de los cultivares (polinización cruzada) y las mutaciones somáticas reportadas en la especie.

Palabras claves: MICROSATÉLITES, UPGMA, POLINIZACIÓN CRUZADA, MARCADORES MORFOLÓGICOS, DIVERSIDAD GENÉTICA.

ABSTRACT

Sweet potato is a highly competitive product compare to other crops, because of his high nutritional quality and its importance in food, human and animal. However despite their great potential and wide adaptability, in recent years it has reported a high genetic erosion of sweet potato germplasm especially in Latin America and the Caribbean. Ecuador, has been listed as a secondary center of diversity of sweet potato, however the country has not characterization studies that serve to elucidate questions about the genetic variability of the crop. In that context, in this investigation we studied the diversity of 368 accessions of sweet potato (*Ipomoea batata* L.) collected in 18 provinces of Ecuador using morphological and molecular (microsatellite) markers. The morphological characterization the results obtained from the cluster analysis showed the formation of seven groups that share similar morphological characteristics and it was established that the variables for the description of germplasm ($p < .001$) are coloring, form and storage root defects, also the shape of the profile and of the lobe of the leaf. In the molecular characterization using eight microsatellite markers, 89 alleles were detected, with an average of 11.12 alleles per locus and a polymorphism average $PIC = .848$. By using the UPGMA analysis, the distance Nei (1979) and the principal coordinate analysis, it was determinate the formation of 4 cluster, where the genetic variance is distributed to a greater extent within each population (89%, $p > = 0.010$). Both morphological as molecular analyses didn't show the formation of any definite group according to a province, such events occur mainly by exchange systems that farmers keep, plus the high diversity found in this study is related to the reproductive system of the cultivars (cross-pollination) and of somatic mutations reported in the species.

Keywords: MICROSATELLITES, UPGMA, CROSS-POLLINATION, MORPHOLOGICAL MARKERS, DIVERSITY