



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: Dr. Ayala Navarrete, Ligia

CODIRECTOR: Ing.-Mat. Romero Saker, Pedro

SANGOLQUÍ, JULIO 2014

HOJA DE LEGALIZACIÓN DE FIRMAS

ELABORADO POR

Diana Elizabeth Paredes Gavidia

DIRECTORA DE LA CARRERA DE INGENIERÍA EN BIOTECNOLOGÍA

Dra. María Augusta Chávez

SECRETARIO ACADÉMICO

Abg. Zabala Jiménez, Vinicio Petronio

Sangolquí, julio 2014

CERTIFICACIÓN

Dr. Ligia Ayala.

Ing.-Mat. Pedro Romero Saker

Certifican:

Que el trabajo titulado “**Recolección y caracterización morfológica y molecular de la colección nacional de camote (*Ipomoea batata* (L.) Lam)**”, realizado por **Diana Elizabeth Paredes Gavidia**, ha sido guiado y revisado periódicamente y cumple normas estatutarias establecidas en el Reglamento de Estudiantes de la Universidad de las Fuerzas Armadas- ESPE.

Sangolquí, julio 2014

Dr. Ligia Ayala

DIRECTORA

Ing.-Mat. Pedro Romero Saker

CODIRECTOR

DECLARACIÓN DE RESPONSABILIDAD

Yo, DIANA ELIZABETH PAREDES GAVIDIA

Declaro que:

El proyecto de grado denominado “**Recolección y caracterización morfológica y molecular de la colección nacional de camote (*Ipomoea batata* (L.) Lam)**”, ha sido desarrollado con base a una investigación exhaustiva, respetando derechos intelectuales de terceros, conforme las citas que constan al pie de las páginas correspondientes, cuyas fuentes se incorporan en la bibliografía. Consecuentemente este trabajo es de mi autoría.

En virtud de esta declaración, me responsabilizo del contenido, veracidad y alcance científico del proyecto de grado en mención.

Sangolquí, julio 2014

Diana Elizabeth Paredes Gavidia

AUTORIZACIÓN

Yo, DIANA ELIZABETH PAREDES GAVIDIA

Autorizo que:

El proyecto de grado denominado “**Recolección y caracterización morfológica y molecular de la colección nacional de camote (*Ipomoea batata* (L.) Lam)**”; sea publicado en la biblioteca virtual de la Universidad de las Fuerzas Armadas – ESPE.

Sangolquí, julio 2014

Diana Elizabeth Paredes Gavidia

DEDICATORIA

A Dios, quien supo guiar mi camino,

A mi abuelo, por su sabiduría y protección, por ser el pilar de cada uno de mis pasos,

A mis padres, por enseñarme que lo difícil nunca es imposible de alcanzar,

A mis hermanos, por su paciencia y comprensión,

A mis amigos, por formar parte de mis alegrías.

Diana.

AGRADECIMIENTO

En primer lugar, deseo agradecer al Departamento Nacional de Recursos Fitogenéticos del Instituto Autónomo de Investigaciones Agropecuarias (INIAP), en especial al Dr. Álvaro Montero por haber confiado en mí y haberme otorgado esta magnífica oportunidad; además de su guía y colaboración en el presente proyecto.

A los Ingenieros César Tapia y Geover Peña, quienes siempre estuvieron preocupados por la calidad de mi trabajo y a todas las demás personas que conforman el Departamento Nacional de Recursos Fitogenéticos, quienes me brindaron su amistad y compartimos grandes momentos juntos. Al Dr. Eduardo Morillo por su colaboración y aceptación en el Departamento Nacional de Biotecnología y a la Ing. Johanna Buitrón por ser mi guía en el trabajo de laboratorio.

A las personas de la Estación Tropical Pichilingue (EETP-INIAP) por abrirme las puertas y acogerme durante gran parte de mi investigación, en especial a la Ing. Betty Castillo por ser mi amiga y un gran apoyo en los momentos difíciles, al Ing. Carlos Molina, Ing. Juan Agama y M.Sc. Sebastián Yáñez por enseñarme a valorar cada uno de mis pasos hasta alcanzar el éxito.

A mis profesores de la Escuela Politécnica del Ejército (ESPE), por los conocimientos impartidos durante el transcurso de la carrera y en especial a mi directora Dr. Ligia Ayala por confiar en mí y a mi codirector Ing.-Mat. Pedro Romero Saker por su ayuda y apoyo, en especial gracias por el tiempo invertido.

A los amigos que hice durante mi investigación, quienes siempre estuvieron listos a escucharme, compartir sus ideas y su tiempo para conseguir los mejores resultados en especial a Lenin y Emily por ser mis confidentes.

A mis buenos amigos de la Universidad, con quienes siempre formamos el mejor equipo de trabajo, porque nunca me permitieron rendirme: Erika, Julie, Magaly, Jennifer, Andy, Valeria, Vladimir, Gaby, Alex, Daniela y todos los que siempre compartieron una sonrisa a mi lado.

A mis padres, por su bondad y sacrificio, que me inspiraron a ser mejor cada día, porque son un ejemplo de vida, admiración y respeto. A mis hermanos Jorge, Magdalena y Carlos por su cariño incondicional en todo momento. A mis sobrinos Milena y Santiago que se han encargado de llenar mi vida de ternura y alegría

Con todo mi cariño y amor para las personas que forman parte de mi vida, por motivarme y darme la mano cuando sentía que el camino se terminaba, a ustedes por siempre mi agradecimiento.

MUCHAS GRACIAS.

ÍNDICE DE CONTENIDOS

LEGALIZACIÓN DE FIRMAS	i
CERTIFICACIÓN	ii
DECLARACIÓN DE RESPONSABILIDAD	iii
AUTORIZACIÓN	iv
DEDICATORIA	v
AGRADECIMIENTOS	vi
ÍNDICE DE CONTENIDOS	viii
ÍNDICE DE TABLAS	xiii
ÍNDICE DE FIGURAS	xv
ÍNDICE DE ANEXOS	xviii
RESUMEN	xix
ABSTRACT	xx
CAPÍTULO I: INTRODUCCIÓN	1
1.1. Formulación del problema	1
1.2. Justificación del problema	2
1.3. Objetivos de la investigación	3
1.3.1. Objetivo general	3
1.3.2. Objetivos específicos	3
1.4. Marco teórico	3
1.4.1. Camote cultivado	3
1.4.2. Origen geográfico, genético y clasificación taxonómica	4
1.4.3. Diversidad genética en camote	6
1.4.4. Descripción morfológica	8
1.4.5. Requerimientos climáticos y edáficos	10
1.4.6. Uso y valor nutricional	11
1.4.7. Caracterización morfológica	12
1.4.8. Marcadores moleculares	14
1.4.9. Microsatélites	15
1.4.10. Caracterización morfológica y molecular	17

1.5. Hipótesis	18
CAPÍTULO II: MATERIALES Y MÉTODOS.....	19
2.1. Participantes.....	19
2.2. Período de tiempo de la investigación	19
2.3. Recolección del germoplasma	19
2.3.1. Fase de colecta	20
2.4. Caracterización morfológica.....	20
2.4.1. Zona de estudio	20
2.4.2. Condiciones agroclimáticas	20
2.4.3. Tratamientos	21
2.4.4. Unidad experimental.....	21
2.4.5. Manejo agronómico del cultivo	21
2.4.5.1. Preparación del suelo	21
2.4.5.2. Siembra del germoplasma disponible	21
2.4.5.3. Control de malezas.....	22
2.4.5.4. Poda.....	22
2.4.5.5. Riego	22
2.4.6. Descriptores morfológicos	22
2.4.6.1. Procedimiento	22
2.5. Caracterización molecular	23
2.5.1. Fase de laboratorio.....	23
2.5.2. Procedimiento	23
2.5.2.1. Muestreo de material genético	23
2.5.2.2. Extracción de ADN genómico.....	23
2.5.2.3. Cuantificación de ADN genómico.....	24
2.5.2.4. Amplificación de microsatélites	25
2.5.2.5. Selección de los <i>primers</i> microsatélites.....	26
2.5.2.6. PCR con el método M13-Tailing microsatélites.....	27
2.5.2.7. Visualización de los productos con metodología SSR-M13 en el secuenciador LI-COR 4300s	28
2.5.2.8. Genotipaje de fragmentos amplificados	29
2.6. Análisis de datos	30

2.6.1.	Métodos para análisis de datos de caracterización morfológica.....	30
2.6.1.1.	Matriz de similitud y distancia.....	31
2.6.1.2.	Determinación del valor discriminante entre grupos.....	31
2.6.1.3.	Análisis de componentes principales	31
2.6.1.4.	Análisis discriminante canónico	31
2.6.2.	Métodos para análisis de datos de caracterización molecular	32
2.6.2.1.	Determinación del número de poblaciones.....	32
2.6.2.2.	Análisis de diversidad genética.....	32
2.6.2.3.	Análisis de agrupamiento.....	33
2.6.2.4.	Análisis de coordenadas principales	33
2.6.2.5.	Análisis molecular de varianza	33
2.6.2.6.	Distancias genéticas de Nei	34
2.6.2.7.	Identificación de duplicados	34
	CAPÍTULO III: RESULTADOS.....	35
3.1.	Recolección de germoplasma	35
3.2.	Caracterización morfológica.....	37
3.2.1.	Estadística descriptiva caracteres cuantitativos y cualitativos.....	37
3.2.2.	Asociación entre variables	41
3.2.3.	Valor discriminante de los caracteres	42
3.2.3.1.	Caracteres cualitativos	42
3.2.3.1.	Caracteres cuantitativos	45
3.2.4.	Clasificación de los conglomerados.....	46
3.2.4.1.	Grupo 1	50
3.2.4.2.	Grupo 2	51
3.2.4.3.	Grupo 3	52
3.2.4.4.	Grupo 4	53
3.2.4.5.	Grupo 5	54
3.2.4.6.	Grupo 6	55
3.2.4.7.	Grupo 7	56
3.2.5.	Análisis de caracteres discriminantes en el caso de floración	57
3.2.5.1.	Hábito de floración	58
3.2.5.2.	Color de la flor	58

3.2.5.3. Forma del limbo	59
3.2.5.4. Forma de los sépalos	60
3.2.5.5. Ápice de los sépalos	61
3.2.5.6. Pubescencia de los sépalos	61
3.2.5.7. Color de los sépalos	62
3.2.5.8. Color del estigma	63
3.2.5.9. Color del estilo	63
3.2.5.10. Posición del estigma	64
3.2.6. Descripción de los morfotipos	66
3.2.6.1. Morfotipos grupo 1	66
3.2.6.2. Morfotipos grupo 2	68
3.2.6.3. Morfotipos grupo 3	68
3.2.6.4. Morfotipos grupo 4	70
3.2.6.5. Morfotipos grupo 5	72
3.2.6.6. Morfotipos grupo 6	72
3.2.6.7. Morfotipos grupo 7	74
3.2.7. Análisis de componentes principales	75
3.2.8. Análisis discriminante canónico	76
3.3. Caracterización molecular	79
3.3.1. Extracción y cuantificación de ADN genómico	79
3.3.2. Amplificación y genotipaje de microsatélites	79
3.3.3. Análisis de datos moleculares	81
3.3.3.1. Diversidad genética	81
3.3.3.2. Análisis de agrupamiento	86
3.3.3.3. Análisis de coordenadas principales	89
3.3.3.4. Análisis molecular de varianza	92
3.3.3.5. Distancia genéticas de Nei	92
3.3.3.6. Análisis de duplicados	93
3.3.3.7. Análisis de coordenadas principales sin duplicados	95
CAPÍTULO IV: DISCUSIÓN	97
4.1. Recolección de germoplasma	97
4.2. Caracterización morfológica	97

4.3. Caracterización molecular	101
CAPÍTULO V: CONCLUSIONES	106
CAPÍTULO VI: RECOMENDACIONES	108
CAPÍTULO VII: BIBLIOGRAFÍA	110
ANEXOS	125

ÍNDICE DE TABLAS

Tabla 1.1: Clasificación taxonómica del camote	5
Tabla 1.2: Especies silvestres afines al camote sección batatas	7
Tabla 1.3: Tipos de microsatélites	16
Tabla 2.1: Cóctel de reacción para la amplificación de microsatélites de camote....	25
Tabla 2.2: Monoplex de primers SSRs estandarizados para el LI-COR 4300S	26
Tabla 2.3: Dúplex de primers SSRs estandarizados para el LI-COR	26
Tabla 2.4: Cóctel de reacción para microsatélites en monoplex M-13 “Tailing”	27
Tabla 2.5: Cóctel de reacción para microsatélites en duplexaje M-13 “Tailing”. ...	28
Tabla 3.1: Número de accesiones de camote (<i>Ipomoea batata</i> L.) recolectadas en 18 provincias del Ecuador	35
Tabla 3.2: Estadísticos descriptivos de las variables cuantitativas usadas en la caracterización de la variabilidad genética de 368 accesiones de camote	37
Tabla 3.3: Estadísticos descriptivos de las variables cualitativas de 368 accesiones de camote (<i>Ipomoea batatas</i> L.).	38
Tabla 3.4: Porcentajes y frecuencias de algunas variables cualitativas de 368 accesiones de camote (<i>Ipomoea batatas</i> L.).	40
Tabla 3.5: Parámetros usados para la estimación del valor discriminante en caracteres cualitativos en 368 accesiones de camote (<i>Ipomoea batata</i>).	44
Tabla 3.6: Valores de la prueba de Duncan calculados para los descriptores cuantitativos a partir de los grupos definidos en el análisis de agrupamiento de Ward de 368 accesiones de camote.	46
Tabla 3.7: Resumen de estadística descriptiva a partir de los grupos definidos en el análisis de agrupamiento de Ward de 368 accesiones de camote	47
Tabla 3.8: Morfotipos formados dentro del grupo 1, definido por el método de Ward en 368 accesiones de camote (<i>Ipomoea batatas</i> L.)	67
Tabla 3.9: Morfotipos formados dentro del grupo 2, definido por el método de Ward en 368 accesiones de camote (<i>Ipomoea batatas</i> L.)	69
Tabla 3.10: Morfotipos formados dentro del grupo 3, definido por el método de	

Ward en 368 accesiones de camote (<i>Ipomoea batatas</i> L.)	70
Tabla 3.11: Morfotipos formados dentro del grupo 4, definido por el método de Ward en 368 accesiones de camote (<i>Ipomoea batatas</i> L.)	71
Tabla 3.12: Morfotipos formados dentro del grupo 5, definido por el método de Ward en 368 accesiones de camote (<i>Ipomoea batatas</i> L.)	72
Tabla 3.13: Morfotipos formados dentro del grupo 6, definido por el método de Ward en 368 accesiones de camote (<i>Ipomoea batatas</i> L.)	73
Tabla 3.14: Morfotipos formados dentro del grupo 7, definido por el método de Ward en 368 accesiones de camote (<i>Ipomoea batatas</i> L.)	74
Tabla 3.15: Análisis de componentes principales de 368 accesiones de camote.	75
Tabla 3.16: Valores de la función canónica discriminante de las variables cuantitativas de 368 accesiones de camote.	77
Tabla 3.17: Coeficientes y valor de lambda de Wilks de la función canónica discriminante de 368 accesiones de camote.	78
Tabla 3.18: Alelos registrados con sus respectivas frecuencias en 368 accesiones de camote con 8 loci SSRs.	82
Tabla 3.19: Análisis de diversidad genética en 368 accesiones de camote	86
Tabla 3.20: Análisis de coordenadas principales de 368 accesiones de camote analizadas con 8 <i>primers</i> microsatélites.	89
Tabla 3.21: Análisis molecular de varianza de 368 accesiones de camote analizadas con 8 <i>primers</i> microsatélites.	92
Tabla 3.22: Distancia genética de Nei (1978) calculadas en 368 accesiones de camote analizadas con 8 <i>primers</i> microsatélites.	93
Tabla 3.23: Accesiones de camote que presentan un 100% de similitud genética analizadas con 8 <i>primers</i> microsatélites.	93
Tabla 3.24: Accesiones de camote que presentan un 94% de similitud genética analizadas con 8 <i>primers</i> microsatélites.	95
Tabla 3.25: Análisis de coordenadas principales sin las accesiones de camote que presentan similitud genética al 100%.	95

ÍNDICE DE FIGURAS

Figura 3.1: Mapa del Ecuador donde se muestran los puntos de las recolecciones de las accesiones de camote. Realizado en DIVA-GIS v. 4.....	36
Figura 3.2: Dendograma que utiliza el método de Ward y la distancia Euclídea de 368 accesiones de camote (<i>Ipomoea batata</i>). Realizado en SPSS	43
Figura 3.3: Características principales presentes en el conglomerado 1, definido usando el método de Ward en 368 accesiones de camote (<i>Ipomoea batatas</i> L.). En la fotografía accesión ECU 19365	50
Figura 3.4: Características principales presentes en el conglomerado 2, definido Usando el método de Ward en 368 accesiones de camote (<i>Ipomoea batatas</i> L.). Fotografía parte superior accesión ECU 19174 parte inferior accesión ECU 19217	51
Figura 3.5: Características principales presentes en el conglomerado 3, definido usando el método de Ward en 368 accesiones de camote (<i>Ipomoea batatas</i> L.). Fotografía parte superior accesión ECU 19327 parte inferior accesión ECU 19166	53
Figura 3.6: Características principales presentes en el conglomerado 4, definido usando el método de Ward en 368 accesiones de camote (<i>Ipomoea batatas</i> L.). Fotografía parte superior accesión ECU 19048 parte inferior accesión ECU 19023.	54
Figura 3.7: Características principales presentes en el conglomerado 5, definido usando el método de Ward en 368 accesiones de camote (<i>Ipomoea batatas</i> L.). Fotografía parte superior accesión ECU 19438.	55
Figura 3.8: Características principales presentes en el conglomerado 6, definido usando el método de Ward en 368 accesiones de camote (<i>Ipomoea batatas</i> L.). Fotografía parte superior accesión ECU 1952.	56
Figura 3.9: Características principales presentes en el conglomerado 7, definido usando el método de Ward en 368 accesiones de camote (<i>Ipomoea batatas</i> L.). Fotografía parte superior accesión ECU 19493.	57
Figura 3.10: Hábito de floración evaluado en 179 accesiones de camote.	58

Figura 3.11: Color de la flor evaluado en 179 accesiones de camote.....	59
Figura 3.12: Forma del limbo evaluado en 179 accesiones de camote.....	60
Figura 3.13: Forma de los sépalos evaluado en 179 accesiones de camote.....	60
Figura 3.14: Forma del ápice de los sépalos evaluado en 179 accesiones camote...	61
Figura 3.15: Pubescencia de los sépalos evaluado en 179 accesiones de camote	62
Figura 3.16: Color de los sépalos evaluados en 179 accesiones de camote	62
Figura 3.17: Color del estigma evaluados en 179 accesiones de camote	63
Figura 3.18: Color del estilo evaluados en 179 accesiones de camote.....	64
Figura 3.19: Posición del estigma evaluados en 179 accesiones de camote.....	65
Figura 3.20: Grupos formados por el análisis de conglomerados jerárquico,179 accesiones de camote. 1. ECU 19286, 2. ECU 19264, 3. ECU 19394, 4. ECU 19263, 5. ECU 19426, 6. ECU 19387.	66
Figura 3.21: Gráfico obtenido del análisis de componentes principales de 368 accesiones de camote (<i>Ipomoea batata</i> L.).	76
Figura 3.22: Gráfica de las funciones discriminantes canónicas. 368 accesiones de camote (<i>Ipomoea batata</i> L.). Realizado en SPSS Statistics 21	78
Figura 3.23: Amplificación de ADN genómico, geles de agarosa al 2% utilizando muestras secas (carril inicial: marcador de peso molecular 100 pb DNA Ladder).	79
Figura 3.24: Imagen del gel, obtenida en el LI-COR 4300s que muestra el dúplex IBSSR10 – IBSSR27 (carril inicial: marcador IRDye 800nm de 50 a 350 pb).....	80
Figura 3.25: Imágenes geles, obtenida en el LI-COR 4300s que muestra los <i>primers</i> IbY46, IbE27, IbE14 y IbN37 (carril inicial: marcador IRDye 50-350 pb).	80
Figura 3.26: Imágenes geles, obtenida en el LI-COR 4300s que muestra los <i>primers</i> IbN 18, IbE 05, IbN 34 y IBSSR 10 (carril inicial: marcador IRDye 50-350 pb)	81
Figura 3.27: Distribución de los valores ΔK basados en el análisis de estructura poblacional de 368 accesiones de camote, con 8 marcadores SSRs en el programa Structure versión 2.3.4.	87
Figura 3.28: Gráfico de barras ordena de los coeficientes de pertenencia de las	

accesiones de camote a un grupo determinado. En el eje “x” se muestran las 368 accesiones de camote y en eje “y” los coeficientes de pertenencia (los colores rojo, verde, azul, amarillo muestran cada una de las subpoblaciones).	87
Figura 3.29: Dendograma que usa la distancia genética de Nei’s y el método UPGMA, realizado del análisis molecular con microsatélites.	88
Figura 3.30: Distribución accesiones del grupo 1 en función de las coordenadas del componente 1 vs componente 2.	90
Figura 3.31: Distribución accesiones del grupo 2 en función de las coordenadas del componente 1 vs componente 2.	90
Figura 3.32: Distribución accesiones del grupo 3 en función de las coordenadas del componente 1 vs componente 2.	91
Figura 3.33: Distribución accesiones del grupo 1 en función de las coordenadas del componente 1 vs componente 2.	91
Figura 3.34: Distribución accesiones en función coordenada 1 y 2, excluyendo las accesiones con 100% de similitud genética.	96
Figura 3.35: Distribución accesiones de camote, en función de las 3 coordenadas principales, excluyendo accesiones con 100% de similitud genética. ...	96

ÍNDICE ANEXOS

Anexo A: Formato recolección de accesiones DENAREF	125
Anexo B: Lugares de origen de las accesiones recolectadas de camote.	127
Anexo C: Caracteres morfológicos	140
Anexo D: <i>Primers</i> microsátélites.....	146
Anexo E: Análisis descriptivo de las variables cualitativas	147
Anexo F: Análisis de conglomerados jerárquicos.	154
Anexo G: Análisis de conglomerados jerárquicos accesiones con floración	159
Anexo H: Descripción morfotipos formados por el análisis de conglomerados jerárquicos de 368 accesiones de camote.	163
Anexo I: Caracterización molecular.....	168
Anexo J: Estadística empleada para la caracterización morfológica	172
Anexo K: Mutaciones somáticas	177

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

CAPÍTULO I

INTRODUCCIÓN

1.1. Formulación del problema

Ecuador, ha sido catalogado como un centro secundario de diversidad genética del camote (Zhang *et al.*, 1998); sin embargo en los últimos años, se ha reportado una alta erosión genética del germoplasma de camote sobretodo en América Latina y el Caribe (Knudsen, 2000). En el Ecuador, también se ha evidenciado un proceso de erosión del cultivo debido a varios factores como: la pérdida de materiales locales por circunstancias naturales como el fenómeno del “el Niño” (INIAP, 1997), destrucción de hábitats naturales, desestimación y escasa difusión del producto, poca tecnología de pre y post-cosecha y el desplazamiento de los cultivos autóctonos (INIAP, 2010; Proaño, 2012). El cultivo de camote a pesar de su interés nutricional, en el Ecuador se encuentra manejado por pequeños y medianos productores que reportan bajos rendimientos ya que siembran en suelos pobres y con pocos insumos (Chamba, 2008). Para el año 1965 la superficie cosechada de camote a nivel nacional fue de 3159 ha, mientras que para el año 1995 bajó a 260 ha. Sin embargo, en los últimos años con el programa de innovación para el emprendimiento de yuca y camote desarrollado por el INIAP, se han reportado 1030 ha cultivadas; en términos de productividad el rendimiento por hectárea pasó de 3,92 toneladas métricas a 9,7 toneladas métricas (Cobeña, 2010).

Bajo este contexto el Instituto Nacional Autónomo de Investigaciones Agropecuarias (INIAP), desde hace 30 años ha trabajado en la preservación de este recurso, dentro del Programa de Raíces y Tubérculo Tropicales de la Estación Experimental Portoviejo (Cobeña, 2010). Estas actividades se han enfocado a la manutención y ampliación de las áreas productivas del camote en el Ecuador y el aumento de los rendimientos físicos. De igual manera, el Departamento Nacional de Recursos Fitogenéticos de INIAP, con el fin de conservar la variabilidad genética del cultivo, mantenía un banco de germoplasma de camote con 13 accesiones introducidas del CIP-Perú y 46 accesiones nacionales: 15 pertenecientes a la provincia de Manabí,

11 de Azuay, 1 del Napo, 10 de Orellana y 9 de Morona Santiago. De estas accesiones, solamente 15 se han utilizado para realizar procesos de evaluación morfológica y agronómica con el objetivo de identificar genotipos con potencial productivo (Figuroa, 2010). También se ha efectuado un estudio de caracterización molecular, usando 59 accesiones de camote y 18 especies silvestres del género *Ipomoea*, para determinar la existencia de grupos genéticos entre camote cultivado y especies silvestre (Basantes, 2011).

Sin embargo, los estudios de caracterización mencionados, no han sido suficientes para dilucidar las interrogantes sobre la variabilidad genética del cultivo en Ecuador.

1.2. Justificación

El camote o batata tiene generalmente una alta diversidad, se distinguen fácilmente sobre la base de los caracteres morfológicos y tiene una amplia variabilidad de las características botánicas según el ambiente (Acheampong, 2012). Sin embargo las características morfológicas no son el mejor indicativo para la diferenciación entre cultivares a nivel genético, lo cual incide directamente en programas de conservación y mejoramiento. Bajo este contexto las colecciones de germoplasma deben contar con información sobre las características morfológicas de los materiales y complementar dicha información usando marcadores moleculares, de esta manera se determinará las relaciones genéticas del cultivo y los rasgos específicos de importancia agronómica.

Con este estudio se pretende: caracterizar morfológica y molecularmente la diversidad genética del cultivo de camote en Ecuador, para establecer analogías y diferencias entre las accesiones, identificar materiales promisorios que serán de gran utilidad en los programas de mejoramiento, además de aportar con conocimientos útiles para los fitomejoradores, promotores campesinos y agricultores conservacionistas que permitan el óptimo aprovechamiento de estos recursos.

La caracterización morfológica facilita la utilización eficiente del germoplasma, la detección de rasgos únicos dentro de las accesiones y permite conocer la estructura de la población que se conserva (Reed *et al.*, 2004). Mientras que la caracterización molecular es una herramienta necesaria para completar la caracterización morfológica;

ya que genera datos precisos sobre distancias génicas de un genotipo de manera independiente al ambiente (Maquia *et al.*, 2013; Moullin *et al.*, 2012).

En definitiva el presente trabajo permitirá estudiar la diversidad genética del cultivo de camote, identificar genotipos valiosos para ser usados en los programas de mejoramiento y promover el cultivo como una posible alternativa agrícola para fortalecer la soberanía alimentaria en Ecuador

1.3. Objetivos de la investigación

1.3.1. Objetivo general

Recolectar, caracterizar morfológica y molecularmente la variabilidad genética existente en la colección nacional de camote (*Ipomea batata* L.).

1.3.2. Objetivos específicos

- Complementar la colección de camote, mediante la recolección de materiales en el litoral, sierra y amazonia ecuatoriana para consolidar el banco de germoplasma de INIAP.
- Caracterizar morfológicamente la colección nacional de camote, a través del uso de descriptores cualitativos y cuantitativos.
- Caracterizar molecularmente la colección nacional de camote, mediante la técnica de microsatélites (SSR – Secuencias simples repetidas) para determinar variabilidad genética significativa.

1.4. Marco teórico

1.4.1. Camote cultivado (*Ipomoea batata* L.)

La batata o camote, *Ipomoea batatas* (L.) Lam., pertenece a la familia de las *Convolvulaceae* y es originaria de América (Huamán, 1992). Es una planta dicotiledónea, perenne, que se propaga vegetativamente y se cultiva como planta anual en zonas tropicales y subtropicales (FDA, 1995; Larenas, *et al.* 1994). Se siembra principalmente por su raíz reservante comestible que presentan gran contenido de azúcares, carotenos y vitaminas, que son empleadas en la alimentación humana, animal y como alternativa en la producción de almidón (Andrade *et al.*, 2009; Chamba, 2008).

El Centro Internacional de la Papa (CIP , 1988) y la Food and Agriculture Organization (FAO, 2011), han señalado que el camote es una planta rústica y versátil, tolerante a un amplio rango de condiciones edáficas y climáticas que muy pocos cultivos pueden tolerar, lo que la hace importante desde el punto de vista agrícola, industrial y alimenticio.

En términos de producción total es el séptimo cultivo más importante y desde el punto de vista económico ocupa el quinto lugar a nivel mundial (Srinivas, 2009). Se cultiva actualmente en 100 países que corresponden a naciones en desarrollo, los cuales producen y consumen todo el camote en el mundo (Linares, Bye, & Pereda, 2009). Alrededor del 90% de la producción de los países en desarrollo corresponde a Asia, el 5% a África y el 5% al resto del mundo (USDA, 2011).

1.4.2. Origen geográfico, genético y clasificación taxonómica.

Se han desarrollado diversas teorías sobre el origen geográfico del camote o batata; según Vavilov en 1951, el centro de origen comprende la región del sur de México, Guatemala, Honduras y Costa Rica (Clark & Moyer, 1991). Por su parte, O'Brien en 1972, postuló que el camote tiene su origen en algún lugar de Centro América o al noroeste de Sudamérica, cerca de 3000 a.C. (Linares *et al.*, 2009). Sin embargo, análisis desarrollados por Zhang *et al.* (1998), usando marcadores moleculares, revelaron la mayor diversidad genética del cultivo en América Central y menor diversidad en Perú y Ecuador.

El camote es una planta hexaploide ($2n = 6x = 90$), con un número básico de cromosomas $x = 15$ (Huamán, 1992). Tanto el origen de su poliploidía como la identidad de su ancestro silvestre es aún un debate (Clark *et al.*, 1991). Existen varias hipótesis, que se usan para explicar el origen genético del camote. La primera menciona que *Ipomoea batata* habría resultado del cruzamiento espontáneo de una especie diploide ($2n = 30$), con otra tetraploide ($2n = 60$), que produjo un híbrido estéril triploide ($2n = 45$), el cual por duplicación de los cromosomas origino el hexaploide ($2n = 90$), relativamente fértil (Srisuwan, Sihachakr, & Sijjak-Yakovlev, 2006). Esta teoría fue comprobada por Nishiyama *et al.* (1974), cuando cruzaron la especie

tetraploide ($2n = 60$) *Ipomoea littoralis*, con la diploide ($2n = 30$) *Ipomoea leuncantha* Jacq., obteniendo un triploide ($2n = 45$), que por duplicación dio un hexaploide fértil y vigoroso que se hibrida fácilmente con *Ipomoea batata*.

Shiotani en 1987, mencionado por Srisuwan *et al.* (2006), explica otra posible hipótesis para el origen de la batata, este sugiere la hibridación entre *Ipomoea trifida* ($2n = 60$) y *Ipomoea triloba* ($2n = 30$), lo que resulta en la generación del ancestro silvestre de *Ipomoea batata*. Con respecto al origen autohexaploide del camote, una tercera hipótesis indica un origen autopoliploide, donde esta variación proviene de la reduplicación de juegos enteros de cromosomas de una misma especie (Srisuwan *et al.*, 2006). Esto se debe a que muchas especies diploides ($2x$) del género *Ipomoea* producen una proporción relativamente alta de gametos no reducidos, es decir gametos con el mismo número cromosómico del esporofito ($2x$). La formación de un gameto no reducido (polen) ha sido reportado en *Ipomoea trifida* ($2x$), resultando en la formación de tetravalentes ($4x$) que al cruzarse con un bivalente ($2x$) forman un hexaploide (Austin, 1987).

El camote fue descrito por Linneo en 1753, como *Convolvulus batatas*, sin embargo, en 1791 Lamarck clasificó a esta especie dentro del género *Ipomoea*, en base a la forma del estigma y a la superficie de los granos de polen (Huamán, 1992), la clasificación taxonómica de la batata es la siguiente (tabla 1.1):

Tabla 1.1

Clasificación taxonómica del camote

Subreino:	Embryophyta
División:	Magnoliophyta
Subdivisión:	Angiosperma
Clase:	Magnoliopsida
Subclase:	Asteridae
Orden:	Solanales
Familia:	<i>Convolvulaceae</i>
Género:	<i>Ipomoea</i>
Especie:	<i>Batatas</i>

Los nombres comunes de esta planta en Latinoamérica son: boniato en Colombia, papa dulce en Argentina, batata o chaco en Venezuela, batata douce en Brasil, apichu en Perú y camote en Perú, Colombia y Ecuador (Jones, Storey, Matisoo-Smith, & Ramírez-Aliaga, 2011) en otros lugares del mundo se la conoce como: kumara en Polinesia, uala en Hawái, satsuma-imo en Japón y sweet potato en USA (SIICEX, 2014).

De igual manera existe un valioso argumento lingüístico, que permite asegurar la existencia de un intercambio entre los pobladores de la Polinesia y los del continente Americano (Folquer, 1978). Se trata de la casi identidad de los nombres dados al camote por las tribus quichuas en Ecuador y en numerosas islas del Pacífico, basados en la reconstrucción lingüística de la palabra quechua Kumara, con el objetivo de demostrar el contacto precolombino directo entre polinesios y poblaciones andinas (Folquer, 1978; Linares *et al.*, 2008; Jones *et al.*, 2011).

1.4.3. Diversidad genética en camote

El género *Ipomoea* de la familia *Convolvulaceae* tiene alrededor de 600 especies distribuidas en los trópicos y subtropicos del todo el mundo. De las cuales el camote es la única que se cultiva. Más del 50 por ciento de las especies se encuentran en el continente americano y existen 13 especies de *Ipomoea* silvestres estrechamente relacionadas con el camote pertenecientes a la sección Batatas (tabla 1.2.), todas ellas excepto *Ipomoea littoralis*, son endémicas de este continente (FAO, 2011).

En el Ecuador según Jorgensen & León (1999), los recursos genéticos que posee el género *Ipomoea*, comprende 48 especies nativas de las cuales tres serían especies endémicas.

Basados en sus estudios con AFLP, Zhang *et al.* (1998), revelaron que la mayor diversidad genética del camote se localiza en América Central y una menor diversidad en Perú y Ecuador sitios que se han reportado como centros secundarios de diversidad (áreas geográficas donde el cultivo evolucionó separadamente de sus ancestros).

A nivel mundial se conservan 35 500 muestras de recursos genéticos de camote (FAO, 2011). El 80 por ciento de estas se encuentran en menos de 30 colecciones de germoplasma, dentro de las colecciones se incluyen razas nativas, material mejorado y especies silvestres

Tabla 1.2

Especies silvestres afines al camote de la sección Batatas

Especie silvestre	Ploidía	Origen
<i>Ipomoea cordatotriloba</i>	2x,4x	México
<i>Ipomoea cynanchifolia</i>	2x=30	Brazil
<i>Ipomoea grandifolia</i>	2x=30	México
<i>Ipomoea lacunosa</i>	2x=30	México
<i>Ipomoea x leucantha</i>	2x =30	Norte de América
<i>Ipomoea littoralis</i>	4x=60 x	Australia
<i>Ipomoea ramosissima</i>	2x=30	Norte de América y el Caribe
<i>Ipomoea tabascana</i>	2x=60	México
<i>Ipomoea tenuissima</i>	2x=30	Estados Unidos
<i>Ipomoea tiliácea</i>	4x=60	Colombia, Ecuador
<i>Ipomoea trifida</i>	2x,3x,4x,6x	Colombia, Ecuador
<i>Ipomoea triloba</i>	2x=30	Colombia, Ecuador
<i>Ipomoea umbraticola</i>	2x=30	México

Fuente: Huamán, 1992. Jarret, 1992.

El número de cultivares de camote alrededor del mundo es posiblemente de varios centenares, estos se derivan de mutaciones de yema o de clones descendientes de cruces intervarietales que a menudo muestran vigor híbrido o retrocuzas (FDA, 1995). En los últimos años, los cultivares se han seleccionado por su valor alimenticio, calidad de la pulpa y resistencia a enfermedades.

En la actualidad el cultivo de camote se ha extendido a las áreas subtropicales de Estados Unidos, Japón, Europa, Australia, Nueva Guinea y en otras áreas donde se han sometido estudios sobre la variación y herencia de caracteres y se han desarrollado cultivares mejorados (León, 1999).

Las variedades que se consumen en el Ecuador para el consumo alimenticio se distinguen de acuerdo a las zonas geográficas, en la Costa (Manabí) hay preferencia por camote con piel y carne morada, en menor proporción la (variedad Repe) que tiene piel rojo-morado y carne anaranjada. En la sierra y el oriente a más de las mencionadas se utilizan las de piel rosada, morada y crema, con pulpa seca y húmeda de coloración anaranjada, amarilla, crema y blanca (Cobeña, 2010). Los materiales de pulpa seca son menos dulce que las de pulpa húmeda, y son utilizadas en las industrias (Larenas *et al.*, 1994).

1.4.4. Descripción morfológica

El camote es una planta herbácea y perenne; sin embargo, es cultivada como una planta anual debido a que no posee una madurez definida y puede cosecharse siguiendo periodos de cultivo de duración ampliamente variables (Clark *et al.*, 1991; FDA, 1995). Usando para su propagación vegetativa raíces reservantes o esquejes (Chamba, 2008). Su hábito de crecimiento preferentemente es postrado, aunque varía de erecto ha extendido, con tallos que se expanden de manera horizontal sobre el suelo (FDA, 1995; IICA, 1989).

Una de las características más llamativas del camote es la gran variación que presenta en la forma de hojas (IICA, 1989). Según las variedades, las hojas pueden ser de diferentes tamaños, simples o arregladas en espiral sobre los tallos (CARDI, 2010). El borde de la lámina de la hoja puede ser entero, dentado, lobulado o partido, mientras que la forma del perfil general puede ser redonda, reniforme, triangular, hastada, lobulada y casi dividida (Medina, 1986; Folquer, 1978; Chamba, 2008). Las coloraciones varían desde verde pálido, hasta verde oscuro con pigmentaciones moradas (Huamán, 1992). Las venas de las hojas son palmadas y su color que es muy utilizado para diferenciar los cultivares puede variar según Folquer (1978) de verde a rojizo o púrpura, parcial o totalmente pigmentado (FDA, 1995).

El tallo o bejuco es una guía de hábito rastrero, cilíndrica, cuyo color varía de verde, verde bronceado o púrpura con superficie pubescente abundante mientras otras

variedades carecen de ella (FDA, 1995). La longitud del tallo así como de los entrenudos depende del tipo de cultivar y la disponibilidad de agua (Chamba, 2008).

Los cultivares de la batata difieren por su hábito de floración (Rossel, Espinoza, Javier, & Tay, 2008). Bajo condiciones normales de campo, algunos no florecen, otros producen muy pocas flores y otros florecen profusamente (Huamán, 1992; Folquer, 1978). Las flores son completas, con un ovario súpero compuesto, están agrupadas en inflorescencias de tipo racimo, con 5 estambres soldados a la corola pero no unidos entre sí, los pétalos se encuentran soldados formando una corola tipo trompeta (Medina, 1986). Las flores generalmente son de color lila o morado blanquecino con la garganta de color rojizo o morado aunque algunos cultivares producen flores blancas (Huamán, 1992; López 1991). La flor de la batata es bisexual, además el cáliz y la corola contienen los estambres que son los órganos masculinos y el pistilo que es el órgano femenino (Huamán, 1992; León, 2000).

El fruto es una cápsula redondeada de 3 a 7 mm, de diámetro, con apículo terminal dehiscente, posee entre 1 y 4 semillas (León, 2000). La forma de la semilla puede ser irregular, ligeramente angular o redonda, el color varía desde marrón a negro y el tamaño aproximado es 3 mm (Chamba, 2008; Huamán, 1992; León, 2000). El tegumento de la semilla es muy resistente a la impermeabilidad, lo que dificulta su germinación (FDA, 1995). Bajo las mejores condiciones ambientales, la planta de camote produce un escaso conjunto de semillas viables. Muchos genotipos no llegan a florecer con facilidad e incluso algunos genotipos son estériles ya que producen polen defectuoso (Clark *et al.*, 1991).

La planta produce diversos tipos de raíces, las cuales han sido clasificadas en raíces fibrosas que absorben nutrientes y agua, y raíces reservantes que son raíces laterales en las que se almacenan productos fotosintéticos (FDA, 1995). Las raíces adventicias jóvenes que emergen del área de los entrenudos son delgadas y se diferencian generalmente en raíces fibrosas primarias, mientras que las raíces que emergen de los nudos son gruesas y se transforman en raíces reservantes (Clark *et al.*, 1991).

Las raíces reservantes son escasamente lignificadas y se agrandan como resultado de la división en el cambio vascular, estas no son tubérculos y son la porción comestible de la planta cuya cáscara y pulpa varían en color de blanco, crema, amarillo o anaranjado, la intensidad del color también puede variar según las condiciones ambientales en que crece la planta (Clark *et al.*, 1991; CARDI, 2010; León, 2000).

La superficie de la raíz varia de suave y lisa a rugosa, mientras que algunos cultivares poseen defectos en la superficie como piel de cocodrilo, venas prominentes, constricciones horizontales y hendiduras; además, varían en su forma y tamaño, pueden ser redondos, elípticos, obovados, oblongos, ovados, elípticos alargados y curvados (Folquer, 1978; Huamán, 1992; Marti *et al.*, 2011).

Comercialmente la forma más utilizada de propagación es la asexual utilizando guías, ya sea de la parte basal, media o apical de las plantas adultas, esta forma es la más efectiva y rápida de obtener plantas, también existe propagación asexual por raíces pero requiere de más tiempo (FDA, 1995; Fuenmayor, 1992; Lanares *et al.*, 1994). La reproducción sexual se utiliza solamente en los programas de mejoramiento genético.

1.4.5. Requerimientos climáticos y edáficos

Esta especie presenta ventajas comparativas en relación con otras raíces su cultivo es de relativa facilidad por la amplia adaptación agronómica a diferentes ambientes y resistencia a sequías, también posee pocos enemigos naturales lo cual implica una reducción en el uso de pesticidas y crece en suelos con pocos fertilizantes (Figuerola, 2010; Montes *et al.*, 2010; MPI, 2012).

Crece bien en los trópicos cálidos húmedos y se adapta desde el nivel del mar hasta los 3000 msnm (Folquer, 1978). En Ecuador los mejores resultados en plantaciones comerciales se han reportado entre los 0-900 msnm (Chamba, 2008). La temperatura óptima de crecimiento, se encuentra sobre los 20°C - 27°C, si las temperaturas bajan de 10°C el cultivo se retarda (FDA, 1995). El cultivo se daña con las heladas, aunque las heladas suaves no afectan la parte subterránea de la planta, solo el follaje (Dondo, 2008). Tanto la floración como la formación de raíces son estimuladas por días cortos (Lanares *et al.*, 1994).

El mejor suelo para el camote es franco arenoso, bien drenado y profundo; sin embargo, si las condiciones de clima son apropiadas, puede cultivarse en diversos suelos con buenos resultados (FDA, 1995; Raudez *et al.*, 2004). En los arenosos y con escasa fertilidad se obtienen rendimientos adecuados; en cambio, si el suelo es muy fértil, pesado y húmedo, el desarrollo de hojas y tallo es muy vigoroso pero el rendimiento de las raíces es muy bajo (Montes *et al.*, 2010). Es una planta muy tolerante a las variaciones en la acidez del suelo, pudiendo desarrollarse bien en niveles de pH que oscilan entre 4,5 y 7,5, siendo el rango de pH óptimo entre 5,5 y 6,5 (Dondo, 2008; Chavez, 2001; Valvidia, 2011).

Con respecto a la humedad el camote, requiere de aproximadamente 2 cm³ de humedad semanal, distribuidas uniformemente durante la etapa de crecimiento (Clark *et al.*, 1991). Es un cultivo resistente a la sequía, en esas condiciones el follaje permanece verde y sano aunque el crecimiento de las raíces disminuye (Lanares *et al.*, 1994).

1.4.6. Usos y valor nutricional

A pesar de que el camote ha sido catalogado como “alimento para los pobres”, su uso se ha diversificado en los países desarrollados (CEDIR-CIPCA, 2005). El procesamiento del camote para el consumo humano es diverso, se utiliza para producir fideos y productos de confitería como hojuelas, caramelos, puré como suplemento alimenticio para comida de bebés, jarabes azucarados, colorante para alimentos, enzimas, proteínas de la hoja, obtención de almidón que se utiliza como materia prima para la elaboración de bebidas alcohólicas (Lanares *et al.*, 1994; Raudez *et al.*, 2004).

El 50% de la producción mundial se destina al consumo humano, el 40% se usa como alimento para animales: cerdos y ganado bovino. Mientras que el follaje se utiliza en la ganadería lechera (Backer, 1976; Yañez, 2002).

Las batatas son alimentos muy energéticos (114 kcalorías/100g) (USDA, 2014). Además, es rico en hidratos de carbón, el contenido de almidón varía entre el 50 a 70% de la materia seca según los distintos cultivares (Espinola, Creed, Ugaz & Van Hal,

1998). A parte del almidón los principales constituyentes son azúcares, fibras, proteínas, minerales y vitaminas (Lanares *et al.*, 1994; Cusumano *et al.*, 2013).

En las raíces frescas el contenido de azúcares es del 6 al 14% de la materia seca, y el contenido vitamínico destaca el aporte de pro-vitamina A, en especial en las variedades cuya carne es de color amarillo a naranja intenso (CIP, 2009; Moreira, 2007). Por este motivo son más nutritivas las batatas amarillo-anaranjadas que las blancas (Martí *et al.*, 2011). Otras vitaminas que se encuentran son la vitamina C, la vitamina E, el ácido fólico, y las vitaminas del grupo B (Moreira, 2007; USDA, 2014).

En el contenido de minerales el potasio y el fósforo son los más destacados, el aporte de cada uno de ellos alcanza el 9% de la ingesta diaria recomendada (Montes, Oropeza, Romero, Rodríguez, & Arias, 2010).

1.4.7. Caracterización morfológica

Toda la variabilidad producida en los procesos evolutivos y de domesticación se almacena en el genoma, es decir entre los miembros de la población que conforman la especie y puede o no expresarse en características que permitan ser identificadas (Franco & Hidalgo, 2003). Los recursos fitogenéticos se conservan con el fin de ser utilizados de manera correcta y esto solo es posible si se conocen en detalle sus características o atributos y se visualizan sus posibles usos (Martínez, 2012). Como parte de la caracterización de un material vegetal es preciso recurrir al estudio de atributos morfológicos, estructurales o funcionales contenidos en el germoplasma (Polanco, 2011).

Los caracteres morfológicos han sido tradicionalmente usados para la identificación de especies, familias y géneros de plantas. Un descriptor morfológico casi nunca muestra codominancia y con cierta frecuencia son pleiotrópicos, es decir que afectan a más de una función al mismo tiempo (Cubero, 1999). Muchos atributos pueden describir un material, pero los caracteres realmente útiles son aquellos que se pueden detectar a simple vista, registrar fácilmente y que tienen alta heredabilidad, alto valor taxonómico, agronómico y baja influencia del ambiente (IPGRI, 2000).

Para la caracterización morfológica se utilizan descriptores que poseen un valor universal, para ello se manejan listas de descriptores bien definidas y rigurosamente probadas que simplifican considerablemente las operaciones de registros de datos. Además proporcionan un mejor conocimiento del germoplasma disponible (González Y., 2003). Se define como descriptor a cualquier característica que se considere importante o útil para la descripción del material vegetal, que hace referencia a características morfológicas o fisiológicas de la planta (Franco *et al.*, 2003).

Los descriptores realmente útiles son aquellos que se pueden detectar a simple vista, registrar fácilmente, que tienen alta heredabilidad, alto valor taxonómico y agronómico (González Y., 2003). Los descriptores de tipo morfoagronómicos comprenden caracteres morfológicos que son relevantes en la utilización de las especies y pueden ser de tipo cualitativo o cuantitativo (Franco *et al.*, 2003). Siendo los órganos más importantes para la descripción morfológica aquellos que están menos influenciados por el ambiente: tenemos la flor y el fruto en importancia decreciente las hojas, tronco, ramas, raíces y los tejidos celulares (Carrillo, 2000).

El IBPGR (1980) elaboró una lista de descriptores para ser utilizada en la descripción de las colecciones de batata. Dicha lista incluye descriptores pasaporte, la descripción propiamente dicha, evaluaciones preliminares y evaluación avanzada.

López (1991), efectuó una descripción sistemática y de parámetros genéticos para características cualitativas y cuantitativas en la colección de batata del CATIE a 602 msnm, donde determinó 52 descriptores apropiados para ser utilizados con fines de mejoramiento. Los descriptores pigmentación de venas en la raíz, hábito de crecimiento de la planta, color y tipo de lóbulos de la hoja madura, tuvieron el mejor valor discriminante para separar grupos, por lo tanto se pueden utilizar para la descripción inicial de cualquier colección de batata.

Medina (1986), realizó la caracterización morfológica de 16 entradas de camote en el municipio de Moyuta – Guatemala, a una altura de 502 msnm y determinó que existe variabilidad genética entre los diferentes materiales, principalmente en cuanto a

caracteres de órganos vegetativos se refiere. La mayor variabilidad se observó en las hojas tanto en el tamaño como en el color.

1.4.8. Marcadores moleculares

Están constituidos por fragmentos de DNA, pueden ser de tamaños muy diferentes, desde pequeñas secuencias hasta grandes trozos que pueden contener un gen, si bien no importa que dichos fragmentos tengan o no secuencias codificantes (Cubero, 2003).

Mediante los marcadores moleculares se puede reconocer directamente las diferencias genéticas entre individuos, obteniéndose un "perfil molecular" o "*fingerprinting*" característico para cada variedad e independiente de las condiciones de crecimiento de las plantas (Morell *et al.*, 1995). Se han utilizado en los siguientes aspectos: estimación de las distancias genéticas entre poblaciones, variedades, líneas puras e híbridos; identificación y distinción de las variedades, localización e identificación de genes cualitativos (White, Adams, & Neale, 2007).

En el área de los recursos genéticos, los marcadores moleculares han provisto de información relevante en áreas claves de la conservación y caracterización de germoplasma (Alcántara, 2007). Las principales ventajas de los marcadores moleculares es que son fenotípicamente neutros, facilitan la construcción de mapas genéticos debido al alto nivel de polimorfismo, en su mayoría son codominantes (son dominantes o recesivos) y contienen mayor información genética por locus que los marcadores morfológicos, pueden utilizarse en cualquier fase de desarrollo de la planta y aparentemente no muestran epistasis (González, 2003).

En la actualidad existen varias técnicas moleculares que nos permiten conocer cómo se encuentran las proporciones de genes en las poblaciones naturales de manera directa. Los diferentes tipos de marcadores se distinguen por su capacidad de detectar polimorfismos en loci únicos o múltiples y son de tipo dominante y codominante (Cubero, 1999). Entre las técnicas disponibles para estudiar diversidad genética vegetal se encuentran los RAPD (Random Amplified Polymorphic DNA), AFLP

(Amplified Fragment Length Polymorphism, microsatélites (SSR: Simple Sequence Repeats) y los RAM (Random Amplified Microsatellites).

Los microsatélites han tomado ventaja sobre los otros marcadores genéticos, debido a que: i) tienen el más alto grado de polimorfismo (PIC); ii) segregan de manera mendeliana y son codominantes y muchos alelos son encontrados entre individuos estrechamente relacionados (Picó & Gómez, 2011); iii) son muy abundantes, los microsatélites están uniformemente dispersos a través del genoma, aproximadamente cada 10 Kbp; iv) además son una técnica sensible, ya que solo se usan pequeñas cantidades de ADN y son selectivamente neutros (Muñoz, 2008).

1.4.9. Microsatélites

Los microsatélites o secuencias simples repetidas (SSRs) son unidades cortas de ADN formadas de 1 a 4 pares de bases, por ejemplo mononucleótidos (TT)_n, dinucleótidos (AT)_n, o tetranucleótidos (AAGG)_n. Estos locis se encuentran en regiones codificantes y no codificantes del ADN y es probable que se formen por eventos de rompimiento que generan polimorfismos con valores superiores al 90% (Carrillo, 2000). Otras posibles causas para la generación del polimorfismo se deben a mutaciones producidas por deleciones e inserciones, ya sean en el microsatélite en sí o en las regiones que lo flaquean alterando el tamaño de la región microsatélite (Villamón, 2000)

Estas son secuencias altamente variables, entre y dentro de individuos. La variación se manifiesta normalmente como diferencias en longitud entre los distintos alelos del mismo locus (Picó *et al.*, 2011). Estas diferencias en longitud surgen de la existencia de un número diferente de repeticiones del “*motivo*” básico en cada caso. Su detección se basa en la amplificación por PCR de la región que los contiene, empleando cebadores complementarios a las regiones flanqueantes, y la posterior visualización de la diferencia de tamaño de los amplicones, obteniendo resultados fáciles de analizar, fiables y repetitivos (González, 2003).

Los microsatélites fueron inicialmente descritos en humanos, y en poco tiempo fueron hallados en otros mamíferos, como el ratón y el cerdo. Su potencial como

marcadores útiles para los estudios en plantas fue rápidamente reconocido, resultando en su aislamiento y aplicación en muchas especies (Yáñez, 2002). Actualmente, los microsatélites, son los marcadores más populares (FAO, 2010) en los estudios de caracterización genética de especies y mapeo genómico. Actualmente los principales cultivos cuentan con bases de datos con apreciables cantidades de microsatélites como la papa (Milbourne *et al.*, 1998), yuca (Mba *et al.*, 2001) y camote (Huang *et al.*, 2000).

Para trabajar con SSR es necesario conocer la secuencia de la región a analizar para conocer los *primers* específicos que amplifiquen la región repetitiva responsable de la variación observada. Los microsatélites son específicos para ciertos grupos de especies y homólogos entre sí, lo que permite hacer estudios comparativos entre especies o géneros de un mismo grupo (Vendramín *et al.*, 1996).

En cuanto a su clasificación, Chambers & MacAvoy (2000) proponen que los términos puro (o perfecto), compuesto y complejo (tabla 1.3) se utiliza para especificar que uno, dos o más tipos de “*motivos*” respectivamente, se encuentren presentes a lo largo de un locus microsatélite dado, y que el término interrumpido (o imperfecto) como un descriptor jerárquico adicional que implica una o más unidades no repetitivas en el interior de los microsatélites.

Tabla 1.3

Tipos de microsatélites

Tipos de Microsatélites	Ejemplos
SSR Puro	(ACC) ₉
SSR Interrumpido puro	(ACC) ₆ TG(ACC) ₇
SSR Compuesto	(ACC) ₅ (TTG) ₉
SSR Interrumpido Compuesto	(ACC) ₈ TG(ACC) ₅ GA(TTA) ₆
SSR Complejo	(ACC) ₈ TG(GA) ₁₂ (TTA) ₅ GC(TTA) ₄

Los marcadores SSRs tienen sus propias limitaciones, cuando se utilizan en especies poliploides. A medida que aumenta la ploidía, la capacidad de determinar con precisión el número de alelos es limitada, ya que el nivel de ploidía puede afectar la variación observada e introducir complicaciones (Clarke, 2009), a pesar de aquello los

microsatélites también han sido aislados y caracterizados en organismos poliploides. Principalmente en especies de importancia económica como el trigo (*Triticum aestivum* L.) (Hayden *et al.*, 2006), el camote (*Ipomoea batatas* L.) (Huang *et al.*, 2000), la caña de azúcar (*Saccharum* spp.) (Riascos, 2014) y la papa (*Solanum tuberosum*) (Milbourne *et al.*, 1998).

Yáñez (2002), diseñó 15 marcadores microsatélites para camote, en donde 8 marcadores mostraron polimorfismo, en 11 genotipos de camote de diversos países, mantenidos en el banco de germoplasma del CIP.

En el Ecuador Basantes (2012), realizó una caracterización molecular de la colección nacional de camote del banco de germoplasma del INIAP mediante marcadores microsatélites, donde detectó 68 alelos en una población de 89 muestras analizadas con un promedio de 8.5 alelos/marcador, además encontró una alta diversidad genética (0.7050), revelando la existencia de 2 grupos genéticos de camote cultivado y uno silvestre. El análisis de AMOVA mostró que la varianza genética se distribuye en mayor proporción dentro de cada población (74%).

1.4.10. Caracterización morfológica y molecular

Hoy en día la caracterización morfológica como molecular se utiliza para establecer hipótesis de relaciones filogenéticas entre organismos, para estimar la variación dentro de las poblaciones y probar hipótesis de adaptación ecológicas (Alcántara, 2007). Karp *et al.*, (1997) menciona que la caracterización molecular extiende y complementa la caracterización basada en descriptores morfológicos brindando una información precisa y más detallada que la fenotípica.

La caracterización morfológica es el primer paso en el mejoramiento de los cultivos y programas de conservación. Las características morfológicas se han venido utilizando para estudiar la diversidad genética, identificar plantas cultivadas y conservar los recursos genéticos (Yasmin *et al.*, 2006). A la fecha, los marcadores morfológicos establecen las bases para identificar y diferenciar variedades. Mientras que los marcadores moleculares, han llegado para revolucionar la forma de conducir los estudios sobre diversidad genética ya que son rápidos, objetivos, simples y

abundantes, no afectados por el ambiente y pueden analizarse en cualquier etapa de desarrollo del cultivo (Onamu *et al.*, 2012).

Estudios de caracterización agromorfológica y molecular en camote han demostrado alto nivel de diversidad genética dentro de los bancos de germoplasma (Veasey *et al.*, 2008), además los resultados indicaron que este tipo de análisis integrado pueden ser utilizados para caracterizar correctamente el material genético (Gathoni, 2003) y sirven para ayudar a la gestión adecuada de los cultivos generando impactos económicos y en la seguridad alimentaria (Maquia *et al.*, 2013).

En los últimos años se reporta mayor investigación en el desarrollo de marcadores moleculares para camote, siendo escasos la documentación sobre caracterizaciones morfológicas y moleculares juntas. Por ejemplo Chávez *et al.* (2001), utilizó 8 combinaciones dúplex de marcadores moleculares AFLPs para la caracterización molecular de clones elites y variedades mejoradas de camote, adaptadas a las condiciones árido-salino-bóricas de la costa del Pacífico sur de Sudamérica, en donde 3 combinaciones dúplex proporcionaron el mayor número de bandas polimórficas (196), de un total de 249 bandas detectadas. En la caracterización morfológica evaluó características de las hojas y de la raíz reservante, observando en los resultados una gran variabilidad genética, lo cual se expresó en la diferencia en los colores de la pulpa.

1.5.Hipótesis

Existe variabilidad genética significativa entre los materiales de camote de la colección ecuatoriana de INIAP.

CAPITULO II

MATERIALES Y MÉTODOS

2.1. Participantes

El presente proyecto de investigación fue ejecutado en el Instituto Nacional Autónomo de Investigaciones Agropecuarias (INIAP), por medio del Departamento Nacional de Recursos Fitogenéticos (DENAREF) y el Departamento Nacional de Biotecnología (Estación Experimental Tropical Pichilingue - EETP y Estación Experimental Santa Catalina - EESC). Este proyecto forma parte del macro-proyecto “Generación de bioconocimiento para la conservación y uso sostenible de la agrobiodiversidad nativa en el Ecuador en apoyo a la seguridad y soberanía alimentaria.” auspiciado por la Secretaría Nacional de Educación Superior, Ciencia, Tecnología e Innovación (SENESCYT). Convenio N. 20120326 INIAP - SENESCYT, (PIC – 12 – INIAP - 13).

2.2. Periodo de tiempo de la investigación

El tiempo de duración de la presente investigación fue de 18 meses.

2.3. Recolección del germoplasma.

Para la recolección de las accesiones a nivel nacional se analizaron los datos pasaportes de la recolección de germoplasma de *Ipomoea batata* realizada en el año 1986, por el INIAP con la colaboración del CIP, donde se exploraron 18 provincias y se colectaron 389 muestras (Nieto, 1988).

De estas accesiones, al inicio de este estudio se conservan apenas 35 materiales (EEP, EESC, EECA), ya que las accesiones conservadas en campo sufrieron el embate del fenómeno de “El Niño” en 1997, lo que ocasionó que muchas accesiones desaparecieran.

El trabajo realizado consistió en identificarán vacíos en estas colectas, con el objetivo de realizar las nuevas recolecciones de germoplasma vegetal.

2.3.1. Fase de colecta

La fase de colecta de las accesiones se realizó en 18 provincias del Ecuador, mediante la toma de datos usando fichas pasaportes, cuyo formato se encuentra establecido por el Departamento Nacional de Recursos Fitogenético (DENAREF), estas fichas incluyen información del colector, ubicación geográfica, latitud y longitud, estado de la muestra, información ecológica y de suelo, usos de la planta, entre otras (anexo A). Con la información recolectada en los datos pasaporte el DENAREF, asignó un código ECU a cada una de las accesiones, utilizado para su identificación (Anexo B).

2.4. Caracterización morfológica

Se evaluaron 368 accesiones que conforman la colección nacional de *Ipomoea batata* L. Se tomaron datos de hojas, tallos, flores y raíces reservantes de cada una de las accesiones.

2.4.1. Zona de estudio

La colección nacional de *Ipomoea batata*, fue establecida en la Estación Experimental Tropical Pichilingue perteneciente a INIAP, ubicada en Quevedo a 73 msnm y localizado bajo las coordenadas 1° 03' de latitud sur, 79° 25' de longitud oeste.

2.4.2. Condiciones agroclimáticas

PARÁMETROS	QUEVEDO
Precipitación Anual	2273,83 mm
Temperatura media	24.76 °C
Humedad relativa	85.85 %
Zona ecológica	Bosque húmedo tropical
Topografía	Irregular
Textura del suelo	Franco arcilloso-limoso
pH	Ligeramente ácido
Heliofanía promedio	898.66 horas anuales

Fuente: Estación agro meteorológica del INAMHI. Estación Experimental Tropical Pichilingue, 2013.

2.4.3. Tratamientos

El germoplasma estuvo integrado por 392 accesiones recolectadas en 18 provincias del Ecuador.

2.4.4. Unidad experimental

Los genotipos fueron sembrados en un Diseño Completamente al Azar, con 10 observaciones para cada accesión.

Cada unidad experimental estuvo constituida por una planta de cada accesión bajo estudio. Estas cubrieron una cama de siembra de 4 m², con una distancia entre camas de siembra de 1.0 m.

2.4.5. Manejo agronómico del cultivo

2.4.5.1. Preparación del suelo

La preparación del suelo incluyó un pase de arado y un pase de rastra y una vez que el suelo estuvo completamente mullido se construyeron las camas de siembra, que facilitarían el desarrollo de las raíces. Las camas de siembra se realizaron manualmente con un tamaño de 4m².

2.4.5.2. Siembra y germoplasma disponible.

Una semana antes de la siembra de los materiales se realizó la desinfección de las camas de siembra aplicando Cipermetrina (Cyberpac) 20ml/ 20L agua, Captan (Merpan) 100ml/ 20L agua, Benomyl (Fungitex) 100ml/ 20L agua y N-P-K (10-30-10) 100ml/ 20L agua.

La siembra del ensayo se realizó manualmente, se utilizó 10 guías o varas de camote libres de insectos-plagas y enfermedades, las mismas que fueron cortadas con 8 nudos o yemas axilares en estado activo de crecimiento. Tres de estas yemas fueron enterradas en el suelo, el distanciamiento de siembra entre guías fue de 0.40 m dispuestas en dos hileras de cinco guías por cada hilera.

2.4.5.3. Control de malezas

Se realizaron controles de malezas manuales hasta el momento de la cosecha de los materiales. Para mantener la limpieza de los caminos se realizó controles con herbicida Paraquat (Cerillo) a razón de 120 cc/20 L de agua.

2.4.5.4. Poda

Una vez que se cumplió los dos meses de siembra, fue necesario realizar podas de las guías de camote; estas podas se realizaron con una frecuencia de 15 días.

2.4.5.5. Riego

El riego fue aplicado antes de la siembra de los materiales, a los 10 días de siembra (para facilitar el prendimiento de las raíces) y posteriormente se aplicó riego una vez por mes hasta la cosecha.

2.4.6. Descriptores morfológicos

Se emplearon 36 descriptores morfológicos, tomados del libro de descriptores de la batata propuestos por el CIP, AVRDC, IBPGR (Huamán, 1991), de los cuales 26 son cualitativos y 10 cuantitativos. Más 12 descriptores para floración. El detalle de los descriptores utilizados se encuentra en el anexo C.

2.4.6.1. Procedimiento

Huamán (1991), menciona que el momento oportuno para registrar los datos es cuando la planta ha alcanzado un buen estado de desarrollo; por ello, los descriptores cualitativos y cuantitativos pertenecientes a las ramas y hojas fueron evaluados a partir de los 90 días de la siembra, una vez que la planta alcanzó la madurez. Únicamente el descriptor usado para determinar el cubrimiento de la cama de siembra se evaluó a los 35 días.

Los descriptores relacionados a longitud o tamaño se registraron en base al valor promedio de las medidas obtenidas en 5 plantas de cada entrada. Para registrar estas características se usó una sección localizada al centro del tallo principal. El dato a

registrarse es la expresión promedio de 3 hojas, 3 entrenudos, 3 peciolo, etc. localizados en esta sección.

Todos los descriptores de la raíz reservante fueron evaluados al momento de la cosecha. Dependiendo de la accesión está se realizó a los 3, 4 y 6 meses. Para determinar el momento de la cosecha se monitorearon las accesiones a partir de los 3 meses de siembra una vez cada 15 días. Los descriptores de floración se evaluaron al apareamiento de la flor.

2.5. Caracterización molecular

Se caracterizaron molecularmente 368 accesiones que conforman la colección nacional de *Ipomoea batata* L.

2.5.1. Fase de laboratorio

La caracterización molecular se realizó en el Laboratorio de Biología Molecular del Departamento Nacional de Biotecnología en la Estación Experimental Tropical Pichilingue (EETP) y en la Estación Experimental Santa Catalina (EESC), del Instituto Autónomo de Investigaciones Agropecuarias (INIAP).

2.5.2. Procedimiento

2.5.2.1. Muestreo del material genético

La toma de muestras de las accesiones se realizó a partir de hojas jóvenes, primordios foliares, días antes de la cosecha en campo. La conservación de las muestras fue efectuada usando 25 g. de sílice gel con indicador de humedad (gel azul) por 72 horas, para su posterior desecamiento molienda y extracción.

2.5.2.2. Extracción de ADN genómico

Para la extracción de ADN genómico de camote (*Ipomoea batata* L.) se utilizó el protocolo reportado por Dellaporta *et al.* (1983) con modificaciones por Elías *et al.* (2004), para muestras secas.

Se colocó 50 mg de muestra seca (pulverizada) de camote en un tubo eppendorf de 1.5 ml de capacidad. Se agregó 800 μ l de Buffer de extracción al 3% de CTAB (30mM EDTA, 0.1 M Tris-HCl pH8.0, 1.2 M NaCl, 3% CTAB y se añadió 3% de β -mercaptoethanol previo al uso). Se agitó los tubos en vortex y se incubó en Baño María por 1 h a 65°C, efectuándose una adecuada homogenización usando vortex cada 15 minutos.

Se agregó a los tubos 500 μ l de cloroformo-alcoholisoamílico (24:1), se agitó en vortex por 1 minuto hasta ver que las fases se hayan mezclado y se centrifugó a 8000 rpm durante 10 minutos.

Después de centrifugar, se transfirió 500 μ l del sobrenadante a un nuevo tubo con un volumen igual de cloroformo-alcoholisoamílico (24:1) mas 200 μ l de buffer de extracción CTAB 3% (sin β -mercaptoethanol), esta solución se homogenizó en vórtex y se centrifugó a 8000 rpm por 10 minutos.

Se transfirió 500 μ l del sobrenadante a un nuevo tubo y se colocó 350 μ l de isopropanol frío a -20°C, se realizó agitación por inversión y se dejó reposar los tubos por 1 hora en refrigeración a -20°C. Posteriormente la solución fue centrifugada a 8000 rpm por 10 minutos.

La fase líquida obtenida fue descartada y el pellet formado se lavó 250 μ l de etanol al 70% y se eliminó enseguida el sobrenadante. Se secó el pellet usando el termobloques por 1 hora a 40°C. El pellet una vez secó se resuspendió en 100 μ l de agua ultra pura y se añadió 1 μ L RNAsa, se incubaron los tubos en baño maría a 37°C por 30 minutos para la degradación del ARN presente en la muestra y se dio vórtex y punto de centrifuga. El ADN fue conservado a -20° C, hasta realizar los siguientes procedimientos.

2.5.2.3. Cuantificación de ADN genómico

La estimación de la concentración de ADN genómico se realizó por espectrofotometría, utilizando el equipo Hitachi U2-900. Se establecieron las

longitudes de onda a 260 nm y a 280 nm. Se usaron celdas de cuarzo de 2000 μl de volumen, donde se colocó 1980 μl de agua destilada y 20 μl de ADN.

Se registraron las medidas de absorbancia para el posterior cálculo de la concentración de ADN y pureza. En base a la estimación de la concentración, se realizó la dilución de las muestras de ADN en agua ultrapura y tartrazine hasta lograr una concentración final de 5ng/ μl para las pruebas de amplificación.

2.5.2.4. Amplificación de microsatélites

La reacción de amplificación se realizó en un volumen final de 7,5 μl , el coctel de reacción empleado se detalla en la tabla 2.1. Para la validación de todas las muestras por medio de PCR se utilizó el primer IbN 34.

La amplificación se realizó en un termociclador eppendorf mastercycler. Empleando un ciclo inicial de desnaturalización 94°C por 5 minutos, 30 ciclos de desnaturalización cíclica a 94°C por 45 s, 1 minuto de anillamiento a la temperatura establecida para el primer, 2 minutos de elongación cíclica a 72°C y un ciclo final de elongación a 72°C por 7 minutos, por último la estabilización a 10°C por 10 minutos (Morillo, 2002).

Tabla 2.1

Cóctel de reacción para la amplificación de microsatélites de camote

Reactivo	Volumen 1 rx (μL)	Concentración final
Agua UP	2.18	
Green GoTaq Flexi Buffer (5X)	1.50	1 X
MgCl ₂ (mM)	0.60	2 mM
dNTP's (mM)	0.38	0.253 mM
Primer forward (μM)	0.38	0.5 mM
Primer Reverse (μM)	0.38	0.5 mM
Taq Polymerase (5U/ μl)	0.10	0.067 U/ μl
DNA (5 ng/ μL)	2.00	1.33 ng
Volumen Final	7.5 μl	

La electroforesis de los productos de amplificación se realizó en geles de agarosa al 2% en buffer de corrida TAE 1X. Utilizando 2 μ l de marcador de peso molecular 100 pb DNA Ladder (Labnet International, Inc. Cat. No. R1000-100bp) depositado en el primer pocillo de cada carril. Para cargar los productos se utilizó 1 μ l de SYBR Gold (1:200 μ l), con 3 μ l del producto de amplificación y se dejó correr la electroforesis a 100V durante 30 minutos.

2.5.2.5. Selección de los primers microsatélites

Se efectuaron pruebas de selección de *primers* microsatélites a partir de 11 *primers* publicados por Huamán *et al.* (2009) y Hu *et al.* (2004). Los *primers* y sus secuencias se encuentran detallados en el anexo C. Se utilizó las combinaciones, temperatura de *annealing* y marcaje IRDye previamente establecidos por Basantes (2012) para probar el monoplexaje y duplexaje de los microsatélites M13-Tailing (tabla 2.2. y 2.3.).

Tabla 2.2

Monoplex de *primers* SSRs estandarizados para el LI-COR 4300S

Primers	Tamaño (pb)	Marcaje IRDye	Temperatura final (°C)
IbE 14	200	700	57
IbE 27	209	700	57
IbN37	184	700	55
IbY 46	144	800	55
IBSSR 19	181	700	65

Tabla 2.3

Dúplex de *primers* SSRs estandarizados para el LI-COR

Combinación	Primers	Tamaño (pb)	Marcaje IRDye	Temperatura final (°C)
1	IbN18	195	800	56
	IbN34	308		
2	IBSSR 10	217	800	60
	IBE 5	220		
3	IBSSR 04	216	700	60
	IBSSR 27	180		

Una vez realizadas las pruebas se escogieron las combinaciones donde se observó mejor rendimiento en los productos amplificados y la obtención de un patrón de bandeo claro.

2.5.2.6. PCR con el método M13-tailing microsátélites

La técnica consiste en que durante la reacción PCR, la secuencia forward (5'-CAC GAC GTT GTA AAA CGA C-3') añadida a los *primers* microsátélites, se une al IRDye-labeled M13 primer (secuencia complementaria marcada con fluorescencia infrarroja a 700nm u 800 nm) que se añade en el coctel de reacción. De esta manera los productos de amplificación quedan marcados y al ser separados por electroforesis, son detectados simultáneamente por los dos canales del genotipador LICOR, generándose dos imágenes de corrida en tiempo real, una en 700 nm y otra en 800 nm (Morillo *et al.*, 2010).

El coctel de reacción para amplificación de microsátélites en monoplexaje se detalla en la tabla 2.4. Para las reacciones de amplificación en duplexaje, es decir utilizando dos combinaciones de *primers*, se detalla el coctel en la tabla 2.5.

Tabla 2.4

Cóctel de reacción para microsátélites en monoplexaje M-13 “Tailing”.

Reactivo	Cantidad 1rx (µl)	Concentración final
Agua UP	0.32	
Buffer PCR (X)	1.00	1 X
MgCl₂ (mM)	0.50	2.5 mM
dNTP`s (mM)	0.20	0.2 mM
M13 700/800	0.80	0.16 µM
Primer (µM) F-M13	0.05	0.01 mM
Primer (µM) R	0.08	0.16 mM
Taq casera (U/µl)	0.05	0.05
Muestra (ng/µl)	2.00	10 ng
Volumen total (ul)	5	

Tabla 2.5**Cóctel de reacción para microsatélites en duplexaje M-13 “Tailing”.**

Reactivo	Cantidad 1rx (µl)	Concentración final
Agua UP	0.19	
Buffer PCR (X)	1.00	1 X
MgCl ₂ (mM)	0.50	2.5 mM
dNTP's (mM)	0.20	0.2 mM
M13 700/800	0.80	0.16 µM
Primer (µM) F-M13	0.05	0.01 mM
Primer (µM) R	0.08	0.16 mM
Primer (µM) F-M13	0.05	0.01 mM
Primer (µM) R	0.08	0.16 mM
Taq casera (U/µl)	0.05	0.05
Muestra (ng/µl)	2.00	10 ng
Volumen total (ul)	5	

El volumen final de la reacción se cubrió con 30 µl de aceite mineral para evitar la evaporación de las muestras. La amplificación se realizó en un termociclador eppendorf mastercycler, empleando el siguiente programa de amplificación: un ciclo inicial 94°C por 2 minutos, un ciclo de desnaturalización 95°C por 4 minutos, 25 ciclos de desnaturalización cíclica a 95°C por 1 minuto, 2 minutos de anillamiento a la temperatura establecida para cada primer, 2 minutos de elongación cíclica a 72°C y un ciclo final de elongación a 72°C por 10 minutos, por último la estabilización a 4°C por 10 minutos (Morillo, 2002).

2.5.2.7. Visualización de los productos con metodología SSR-M13 en el Secuenciador LICOR 4300s

Los productos de amplificación obtenidos con la metodología SSR-M13 son visualizados en el secuenciador LI-COR 4300s, que utiliza electroforesis vertical en geles de acrilamida.

La preparación del gel de poliacrilamida al 6.5% consiste en mezclar 20 ml de Gel Matrix KB Plus 6.5% (Cat. No. 827-05607, LI-COR), 150 µl persulfato de Amonio

(APS) 10% y 15 μ l de TEMED, esta mezcla se deposita entre dos placas de vidrio, previamente lavadas con agua-detergente, y tratadas con isopropanol. Seguidamente, se coloca el peine para formar la línea base y se deja polimerizar por 1 hora. Se retira el peine después de la polimerización del gel, se limpia con agua los excesos de poliacrilamida y se coloca nuevamente el peine para formar el lado lineal del peine. Una vez que se haya limpiado la parte superficial de las placas estas se ensamblan en el equipo LI-COR 4300. Para la corrida electroforética se utiliza 1 L del buffer TBE 1x KB Plus LI-COR.

Previo el inicio de la corrida, es necesario realizar una pre-corrida de 25 minutos de las placas, con el objetivo de que el láser se enfoque y reconozca el gel. Después de realizar la pre-corrida se limpian los canales del peine, asegurándose que no haya residuos de acrilamida, para posteriormente cargar las muestras.

Para cargar las muestras, estas deben ser preparadas por lo cual se colocó en el producto de amplificación 15 μ l de Blue stop (49ml Formamida 98%, 1ml EDTA 0,5 M, 0,15 g Bromofenol 0,3%), seguido de la centrifugación de las placas a 3000 rpm por 1 minuto. Posteriormente se denatura los productos amplificados a 95°C por 5 minutos y se coloca inmediata de la placa en hielo para impedir que las hebras de ADN se unan nuevamente.

El volumen de carga de las muestras en el gel de poliacrilamida fue de 1 μ l, primero se cargan las muestras con marcaje de 800 nm y luego de correr dos minutos se cargan las muestras con marcaje de 700 nm. Como marcador de talla se utilizó el IRDye 700 u 800nm que va desde 50 a 350 pb. La electroforesis se realizó a 1500 V durante 90 minutos en el LI-COR.

2.5.2.8. Genotipaje de fragmentos amplificados

El análisis de los resultados se efectuó usando el software SAGAGT versión 3.3. se creó un proyecto denominado “Camote_EETP”, en el cual se registran los parámetros de: talla del marcador de peso molecular, nombre, rango esperado, marcaje y combinaciones de los microsatélites. Una vez introducida la información de los loci microsatélites, se crea el gel donde se asigna la ubicación de las muestras, la ubicación

del marcador de peso molecular dentro de los pocillos del gel, y se designa la combinación de primer con el que se va a genotipar.

Para determinar el rango alélico de las muestras amplificadas con cada marcador, se seleccionaron los resultados obtenidos para escoger el tamaño máximo y mínimo de amplificación. Los rangos obtenidos son los que se incorporan al programa SAGA para el posterior análisis de las imágenes. El software SAGA se caracteriza por proveer una identificación rápida y precisa del tamaño y número de alelos. Los datos del genotipaje fueron importados al programa Microsoft Excel, en donde se obtuvo una matriz genotípica que muestra los tamaños (pb) de los alelos reportados por cada loci microsatélite, de esta manera cada individuo estuvo identificado por su genotipo. Cuando no existió amplificación, se etiquetó con signo negativo y consecutivamente se efectuó nuevamente una amplificación de los datos vacíos (GAP's) obtenidos. Los locus microsatélites que no amplificaron se consideraron como datos perdidos y se prosiguió a elaborar la matriz genotípica final.

2.6. Análisis de datos

2.6.1. Métodos para análisis de datos de caracterización morfológica.

Los datos generados en la caracterización morfológica usando 36 variables cuantitativas y cualitativas fueron analizados usando el programa IBM SPSS Statistics 21 (Pardo *et al.*, 2002), se obtuvieron resultados de las siguientes pruebas: estadística descriptiva, análisis multivariado, análisis de componentes principales y análisis discriminante canónico.

En el análisis descriptivo de las variables, se determinó la moda y la frecuencia para caracteres cualitativos. Los caracteres cuantitativos se analizaron usando la media aritmética y desviación estándar y análisis de correlación para establecer las relaciones entre variables.

Además en el caso de las accesiones que presentaron floración se realizó un análisis multivariado adicional, ocupando las 36 variables correspondientes a las características de las hojas, tallos, raíces reservantes más 12 variables exclusivas de floración.

2.6.1.1. Matriz de similitud y distancia

Se utilizó el procedimiento de análisis de conglomerados jerárquico, a partir de esta metodología se forma la matriz de distancia Euclídea al cuadrado que contribuye a la formación de un dendograma a través de la técnica de agrupamiento de Ward, empleada comúnmente para conocer correlaciones entre grupos.

La relación entre caracteres cualitativos y cuantitativos se hizo usando la distancia de Mahalanobis.

2.6.1.2. Determinación del valor discriminante entre grupos

Caracteres cualitativos

El valor discriminante para separar grupos se estimó siguiendo lo mencionado por Tapia (1998) utilizando las siguientes pruebas estadísticas: la prueba chi-cuadrado (X^2) y el coeficiente de correlación de Pearson (P).

Caracteres cuantitativos

Para determinar el valor discriminativo de los descriptores cuantitativos se usó la prueba de rango múltiples de Duncan que expresa el número total de posibles comparaciones dentro de un grupo (López, 1991).

2.6.1.3. Análisis de componentes principales

La relación de los genotipos se efectuó mediante técnicas de taxonomía numérica: análisis de componentes principales (ACP). Esta técnica permitió reducir el conjunto de variables correlacionadas a un conjunto menor no correlacionadas, denominadas componentes principales.

2.6.1.4. Análisis discriminante canónico

Permite corroborar el análisis de componentes principales y separar características discriminantes. El objetivo de este análisis es cuantificar la validez de la relación entre

las variables. Para probar la significancia de la correlación canónica se usó la prueba de Bartlett de la Lambda de Wilks.

2.6.2. Métodos para análisis de datos de caracterización molecular.

La diversidad dentro de la población se estimó con base en el número de alelos, loci polimórficos y estimación de diversidad genética (Heterocigosis esperada). Para visualizar los patrones de similitud entre poblaciones se realizaron análisis de agrupamiento y los métodos de Coordenadas Principales.

2.6.2.1. Determinación del número de poblaciones

En el programa Structure versión 2.3.4 (Pritchard *et al.*, 2000), que utiliza algoritmos de agrupamiento Bayesiano se introdujo la matriz de datos obtenidas en el programa SAGA, con todos los alelos reportados en cada locus. Usando el método de cadena de Montecarlo MCMC (Monte Carlo Markov Chain), asumiendo un modelo de K poblaciones entre 1-10 y las opciones predefinidas por el programa. Fue posible determinar el número de poblaciones (cluster) y el set de frecuencias de alelos para cada locus.

Para determinar el número de poblaciones se usó el método propuesto por Pritchard *et al.* (2000), el cual se basa en los datos obtenidos de Structure. El número de grupos genéticos se encontró relacionando, el logaritmo natural de la distancia entre poblaciones vs el número de poblaciones ($K = 1$ a 10).

Una vez determinado el número de poblaciones se corre nuevamente el programa para obtener la asignación genética de cada accesión al cluster determinado.

2.6.2.2. Análisis de diversidad genética

Para el análisis de diversidad genética se utilizó el set de frecuencias de alelos determinado por el programa Structure. Usando el programa en línea Polymorphic Information Calculator (Nagy *et al.*, 2012), se determinó los parámetros de heterocigosis esperada y el Contenido de Información de Polimorfismo (PIC).

2.6.2.3. Análisis de agrupamiento

El análisis de conglomerados se realizó usando el método UPGMA del programa TREECON versión 1.3 (Van de Peer *et al.*, 1994) es un programa filogenético basado en el ambiente de Windows. Para ello cada fragmento amplificado por los microsatélites, fue tratado como un carácter unitario y se anotó los códigos como una matriz binaria (1/0, presencia/ausencia).

Los datos binarios, se ocuparon para crear matrices de distancia utilizando el método de distancias genéticas de Nei y Li (1979). Se usó el método de re-muestreo (bootstrapping =100) del programa para inferir en la estimación de la variabilidad genética. En este análisis cada accesión fue tratada como una unidad taxonómica operacional (OTU).

El resultado del análisis generó un dendograma, con el mismo número de poblaciones determinadas por el programa Structure.

2.6.2.4. Análisis de coordenadas principales

El Análisis de Coordenadas Principales (PCoA) fue efectuado en el programa GenALEX versión 6.0 (Peakall *et al.*, 2006), donde la matriz binaria previamente arreglada de acuerdo a las especificaciones del programa, se utilizó para el cálculo de distancias genéticas a través de la opción Distance-genetic, para posteriormente realizar el análisis de coordenadas principales.

Los resultados generaron los valores de dispersión de las muestras y los porcentajes de varianza para cada coordenada.

2.6.2.5. Análisis molecular de varianza

Este test permite realizar una descomposición de la varianza molecular observada. El cálculo del AMOVA se realizó usando el software GenALEX ver. 6 (Peakall *et al.*, 2006), está adaptado a diferentes tipos de marcadores genéticos permitiendo una estimación de la diferenciación entre poblaciones o grupos a partir de una matriz de datos binarios.

Con este análisis se obtuvo estimadores de los componentes de la varianza (Φ_{PT}), basados en las frecuencias genéticas de la población. El parámetro Φ_{PT} , análogo al tradicional F_{ST} pero adaptado para datos binarios, varía en un rango de (-1 a 1) según el grado de diferenciación genética entre los grupos. El parámetro Φ_{PT} se calculó con 999 permutaciones aleatorias (Peakall *et al.*, 2006).

2.6.2.6. Distancias genéticas de Nei

Los índices de distancias genéticas se calcularon entre los cluster formados en el análisis de agrupamiento, con el objetivo de describir el grado de diferenciación genética entre grupos. Este valor se refiere a las diferencias genéticas obtenidas en función de las frecuencias genéticas (Nei, 1987)

Para el cálculo de la distancia de Nei, se utilizó la matriz binaria que fue introducida en el software GenALEX ver 6. (Peakall *et al.*, 2006), usando la opción frequency.

2.6.2.7. Identificación de duplicados

Para la identificación de duplicados se usó el software Excel Microsatellite toolkit (Park, 2001), donde la matriz genotípica obtenida del programa SAGA fue introducida, se usó la opción double column format, y la opción de diferenciación de por lo menos un alelo para realizar las comparaciones entre tallas de las accesiones.

CAPITULO III

RESULTADOS

3.1. Recolección de germoplasma

Se realizó la prospección de germoplasma de camote en 18 provincias del Ecuador, usando como base las coordenadas geográficas de recolecciones anteriores realizadas por el Departamento Nacional de Recursos Fitogenéticos (DENAREF). En total se recolectaron 392 accesiones, que fueron transportadas a la Estación Experimental Tropical Pichilingue (EETP-INIAP) para su posterior siembra, acondicionamiento y caracterización. La tabla 3.1 detalla el número de accesiones de camote recolectados por provincias y el figura 3.1 muestra los puntos de colecta.

Tabla 3.1

Número total de accesiones de camote recolectadas en 18 provincias del Ecuador

ORIGEN	# ACCESIONES
Manabí	51
Santo Domingo	19
Esmeraldas	73
Guayas	39
Santa Elena	31
El Oro	21
Loja	28
Los Ríos	19
Azuay	17
Chimborazo	17
Bolívar	2
Tungurahua	2
Zamora	21
Morona	7
Pastaza	13
Sucumbíos	10
Orellana	8
Napo	14
Total	392

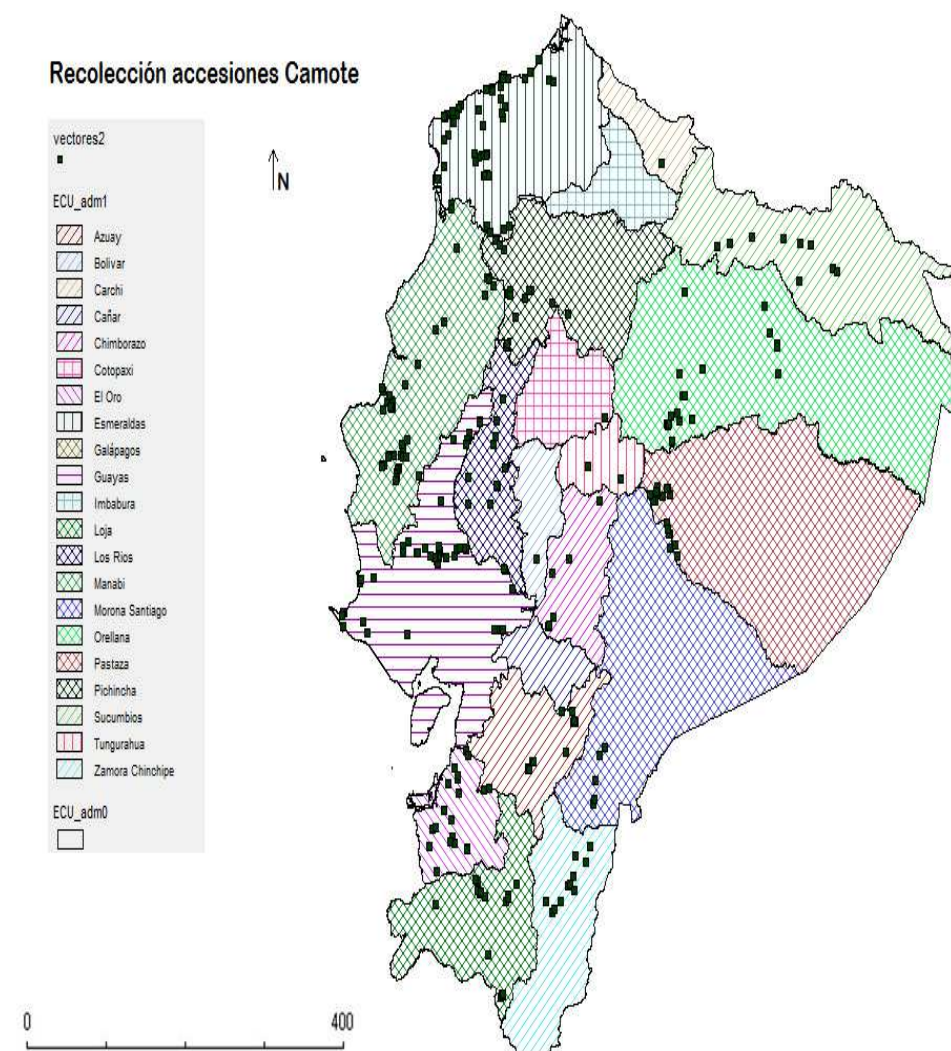


Figura 3.1: Mapa del Ecuador donde se muestran los puntos de recolección de las accesiones de camote. Realizado en DIVA-GIS versión 4 (Hijmans *et al.*, 2004)

Se recorrieron 18 provincias del Ecuador, recolectando un total de 392 accesiones de camote. En general el 64.54% de accesiones pertenecen a la costa ecuatoriana, el 18.62% al oriente y el 16.84% a zonas bajas de las provincias de la sierra. Las provincias donde mayor número de accesiones se recolectaron fueron Esmeraldas (73 accesiones) y Manabí (51 accesiones).

De los materiales recolectados se caracterizaron morfológica y molecularmente 368 accesiones, debido a que 8 presentaron problemas de adaptación en invernadero

por lo que no se instalaron en campo y 16 accesiones no presentaron raíz reservante al momento de la cosecha.

3.2. Caracterización morfológica

Se realizó el análisis descriptivo, conglomerados jerárquicos, componentes principales y análisis canónico en 368 accesiones de camote con 36 variables, 10 cuantitativas y 26 cualitativas. Además se incluyó un análisis de conglomerados evaluando las 36 variables anteriores más 12 variables de floración (anexo G, tabla G.1) en 179 accesiones que presentaron presencia de flor, con el objetivo de resaltar características discriminantes en los grupos con floración.

3.2.1. Estadística descriptiva caracteres cuantitativos y cualitativos

Para determinar la variabilidad genética de los datos morfológicos de las accesiones de camote, se usaron parámetros estadísticos como la media aritmética, el rango de variación, la desviación estándar y el coeficiente de variación para 10 descriptores cuantitativos (tabla 3.2).

Tabla 3.2

Estadísticos descriptivos de las variables cuantitativas usadas en la caracterización de la variabilidad genética de 368 accesiones de camote (*Ipomoea batatas* L.).

Descriptor	Unidades	N	Rango	Media	Desv. estándar	% Coef. variación
Longitud de entrenudo	cm	368	11.20	5.37	1.97	36.70
Número de lóbulos hoja		368	11.00	3.99	1.75	44.00
Tamaño de la hoja madura	cm	368	14.80	13.65	2.80	20.60
Longitud del peciolo	cm	368	27.90	17.02	4.85	28.50
Unión raíz al tallo	cm	368	42.20	5.84	3.50	60.00
Número de raíces por planta		368	5.00	1.56	1.12	72.20
Tamaño de la raíz reservante	cm	368	31.00	17.54	5.07	28.90
Peso de la raíz	g	368	900.00	327.61	166.78	50.90
Diámetro entrenudo	cm	368	0.85	0.52	0.14	25.90
Grosor de la corteza	cm	368	0.87	0.24	0.13	53.90

Los caracteres con mayor coeficiente de variación fueron: peso de la raíz reservante (50.9%), el grosor de la corteza (53.9%), la unión de la raíz reservante con el tallo (60.0%) y el número de raíces reservantes por planta (72.2%) por lo tanto estas cuatro variables son las que están influyendo en la variabilidad genética de la especie.

Los caracteres con menores coeficientes de variación fueron longitud del peciolo (28.5%), diámetro del entrenudo (25.9%) y tamaño de la hoja madura (20.6%).

Los resultados obtenidos del análisis descriptivo de las 26 variables cualitativas se resumen en la tabla 3.3 se calculó, la moda, la mediana, la media aritmética, el rango de variación y la desviación estándar.

Tabla 3.3

Estadísticos descriptivos de las variables cualitativas de 368 accesiones de camote (*Ipomoea batatas* L.).

Descriptor	N	Moda	Mediana	Rango	Media	Desv. estándar
Enroscamiento	368	0	0	9	0.47	1.56
Cobertura del suelo	368	3	5	6	4.78	1.70
Color predominante de los tallos	368	6	5	8	4.69	2.15
Color secundario de los tallos	368	2	3	6	3.22	2.19
Pubescencia de los tallos	368	0	0	7	2.17	2.47
Forma del perfil general de la hoja	368	3	4	4	4.32	1.28
Tipo de lóbulo de la hoja	368	3	3	7	2.86	1.85
Forma del lóbulo central	368	4	2	9	3.04	1.77
Pigmentación de las nervaduras	368	7	7	8	5.15	2.19
Color de la hoja madura	368	2	2	7	2.32	1.16
Color de la hoja inmadura	368	3	3	8	3.87	2.02
Pigmentación del peciolo	368	6	6	8	5.64	2.72
Forma de la raíz reservante	368	3	3	8	4.97	2.60
Defectos de la superficie raíz	368	5	5	5	3.42	1.81
Color predominante de la piel raíz	368	6	6	8	5.93	2.11

Continúa

Tabla 3.3: (Continuación)

Descriptor	N	Moda	Mediana	Rango	Media	Desv. estándar
Intensidad color predominante de la piel	368	3	2	2	2.38	0.69
Color secundario de la piel	368	0	0	9	0.77	1.32
Color predominante de la carne de la raíz	368	1	3	7	3.42	2.50
Color secundario de la carne de la raíz	368	0	4	9	3.92	3.17
Distribución color secundario de la carne	368	0	3	9	3.90	3.11
Presencia de floración	368	0	0	1	0.49	0.50
Formación de la raíz reservante	368	5	5	6	4.56	0.94
Variabilidad de la forma de la raíz	368	5	5	4	4.56	1.02
Producción de látex de la raíz reservante	368	3	3	4	3.38	0.83
Oxidación de la raíz reservante	368	3	3	4	3.86	1.01
Agrietamiento	368	0	0	7	0.81	1.48

En el anexo E (tabla E.1), se describen las frecuencias de todas las variables cualitativas. A continuación se mencionan algunas variables que tienen interés agrícola e industrial, considerando que muchas partes de la planta de camote son comestibles el color de la piel, color de la carne, forma, producción de látex y oxidación de la raíz se consideran como caracteres que poseen valor para los productores de harina, almidón, dulces y *snack* de camote. La tabla 3.4 resume las frecuencias y porcentajes de las variables mencionadas.

En lo que respecta a cobertura de suelo el 39% de las accesiones tienen un índice de cobertura bajo (menor al 50%); el 57.3% de las accesiones poseen poca oxidación (menor al 50%), mientras que el 82.3% de accesiones tienen escasa producción de látex. El color predominante de la piel de la raíz reservante dentro de las 368 accesiones es rosado (49.2%), el color predominante de la carne es amarillo (28.3%) y el 29.6% de accesiones no presentan color secundario en la carne de la raíz reservante.

Dos variables de importancia agronómica son la variabilidad de la forma y la formación de la raíz reservante, considerados como descriptores previos de productividad. El 68.8% de las accesiones tienen una forma ligeramente variable y 73.9% se distribuyen a lo largo de los tallos en forma dispersa.

Tabla 3.4

Porcentajes y frecuencias de algunas variables cualitativas de 368 accesiones de camote (*Ipomoea batatas* L.).

Descriptor	Estado del descriptor	Frecuencia	Porcentaje	Porcentaje acumulado
Cobertura de suelo	bajo	145	39.40	39.40
	medio	130	35.30	74.70
	alto	82	22.30	97.00
	total	11	3.00	100.00
Producción de látex de la raíz	poco	303	82.30	82.30
	algo	61	16.60	98.90
	abundante	4	1.10	100.00
Color predominante de la piel raíz	blanco	4	1.10	1.10
	crema	22	6.00	7.10
	amarillo	54	14.70	21.70
	anaranjado	4	1.10	22.80
	marrón	3	0.80	23.60
	anaranjado			
	rosado	181	49.20	72.80
	rojo	3	0.80	73.60
	rojo morado	40	10.90	84.50
	morado oscuro	57	15.50	100.00
Color predominante de la carne raíz	blanco	118	32.10	32.10
	crema	29	7.90	39.90
	amarillo	104	28.30	68.20
	anaranjado	30	8.20	76.40
	marrón	6	1.60	78.00
	Rosado	10	2.70	80.70
	Rojo	6	1.60	82.30
	rojo morado	65	17.70	100.00

Continúa

Tabla 3.4: (Continuación)

Descriptor	Estado del descriptor	Frecuencia	Porcentaje	Porcentaje acumulado
Oxidación de la raíz reservante	poco	211	57.30	57.30
	algo	155	42.10	99.50
	abundante	2	0.50	100.00
Color secundario de la carne de la raíz	ausente	109	29.60	29.60
	blanco	8	2.20	31.80
	crema	23	6.30	38.00
	amarillo	7	1.90	39.90
	anaranjado	47	12.80	52.70
	rosado	75	20.40	73.10
	rojo	3	0.80	73.90
	morado	79	21.50	95.40
	morado oscuro	17	4.60	100.00
Variabilidad de la forma	uniforme	98	26.60	26.60
	ligeramente variable	253	68.80	95.40
	moderadamente variable	17	4.60	100.00
Formación de la raíz reservante	racimo cerrado	1	0.30	0.30
	racimo abierto	87	23.60	23.90
	disperso	272	73.90	97.80
	muy disperso	8	2.20	100.00

3.2.2. Asociación entre características

Previo al análisis de conglomerados, se efectuó el análisis de correlación de las variables, usando el coeficiente de Pearson. Para las variables cualitativas se observó correlación entre la pigmentación del pecíolo con relación al color predominante de los tallos ($P=0.720$) y la pigmentación de las nervaduras en el envés de la hoja ($P=0.666$); también existe correlación significativa entre la forma del lóbulo central de la hoja con la forma del perfil general de la hoja ($P=0.791$) y el tipo de lóbulo de la hoja ($P=0.837$).

En el caso de las variables cuantitativas (tabla F.1) se determinó que las características que presentan una correlación lineal significativa son tamaño hoja madura con relación a la longitud del pecíolo ($P=0.638$) y el tamaño de la raíz reservante relacionado al peso de la raíz reservante ($P=0.650$).

En el análisis multivariado de conglomerados jerárquicos se identificaron 7 grupos definidos en base a lo mencionado por Domínguez (2009) donde el número de grupos se define realizando una gráfica que relaciona el número de conglomerados vs los coeficientes calculados por la distancia euclídea al cuadrado, el número de grupos está determinado por el punto donde cambia la pendiente de la curva (anexo F, figura F.1.). Estos grupos comparten caracteres morfológicos similares y se representaron en un dendograma (figura 3.2) donde se muestra la variabilidad y el parentesco genético entre cultivares y grupos de cultivares.

Los 7 conglomerados estuvieron conformados por 50, 84, 27, 94, 31, 56 y 16 número de accesiones respectivamente para cada grupo.

En el anexo F (tabla F.2) se especifica el código de la accesión y el lugar de origen según los grupos obtenidos en el análisis de conglomerados.

3.2.3. Valor discriminante de los caracteres

Los parámetros estadísticos para la selección de descriptores discriminantes cualitativos y cuantitativos se detallan a continuación.

3.2.3.1. Caracteres cualitativos

Para las 26 variables cualitativas evaluadas, se aplicó la prueba de chi-cuadrado (X^2) para determinar descriptores discriminantes (anexo J). Los caracteres con alta significancia fueron: color secundario de la carne de la raíz reservante (542.07), color predominante de la carne de la raíz reservante (423.85), forma del lóbulo central (446.12), tipo de lóbulo de la hoja (440.24) y forma del perfil general de la hoja (425.01):

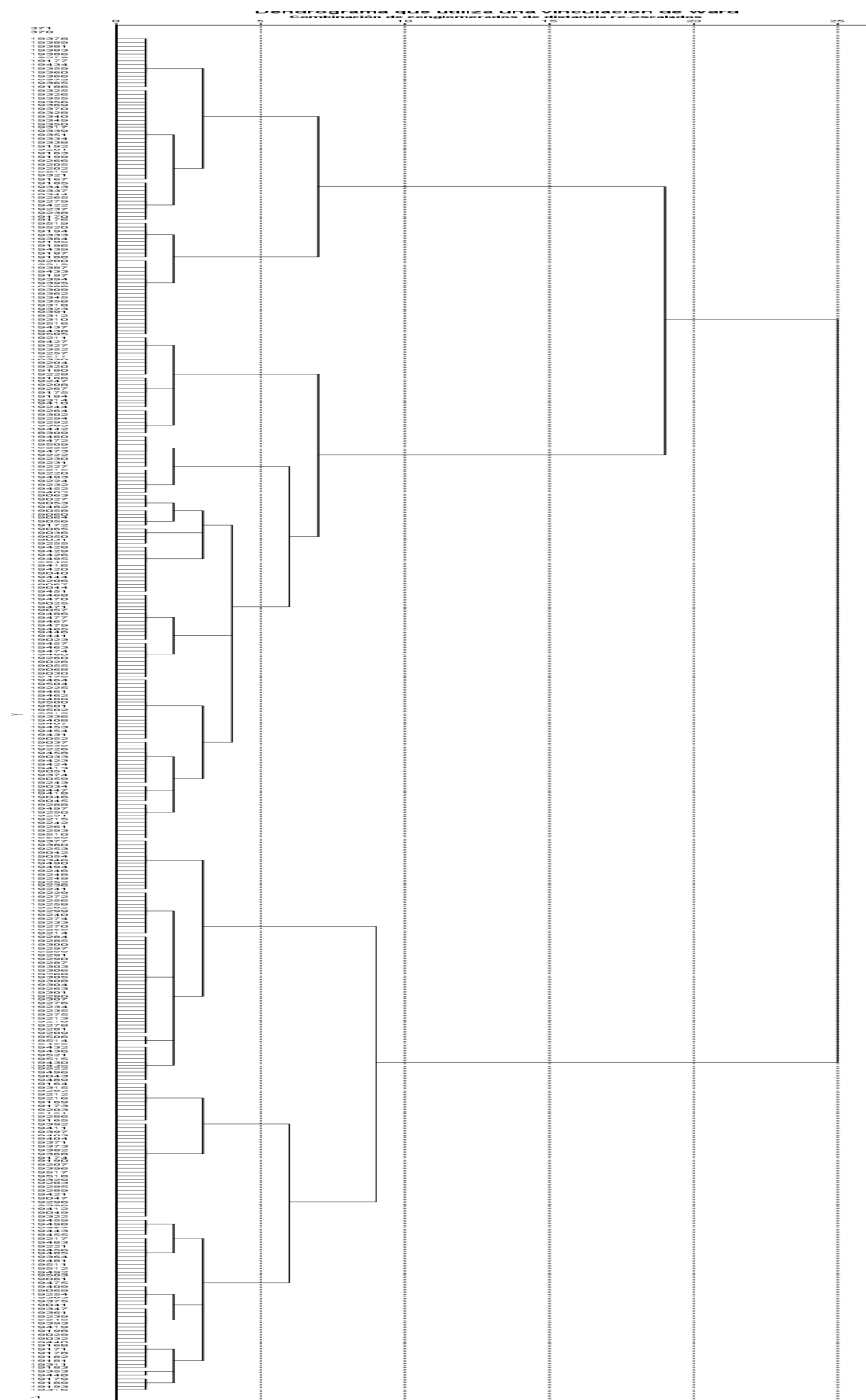


Figura 3.2: Dendrograma que utiliza la vinculación de Ward y la distancia Euclídea al cuadrado de 368 accesiones de camote (*Ipomoea batata* L.). Realizado en IBM SPSS Statistics 21 (Pardo *et al.*, 2002).

Las variables con baja significancia fueron formación de la raíz reservante (39.10), producción de látex en la raíz reservante (43.56) y variabilidad de la forma de la raíz (48.97) (tabla 3.5).

Tabla 3.5

Parámetros usados para la estimación del valor discriminante en caracteres cualitativos en 368 accesiones de camote (*Ipomoea batata* L.).

Variable	Chi-cuadrado	gl	Sig. bilateral	V Cramer	Coefficiente contingencia
Enroscamiento	279.35	24	0	0.44	0.66
Cobertura del suelo	55.35	18	0	0.22	0.36
Color predominante de los tallos	383.77	42	0	0.42	0.71
Color secundario de los tallos	288.01	30	0	0.39	0.66
Pubescencia de los tallos	154.73	18	0	0.37	0.54
Forma del perfil general de la hoja	425.01	24	0	0.52	0.73
Tipo de lóbulo de la hoja	440.25	24	0	0.55	0.74
Forma del lóbulo central	446.12	48	0	0.45	0.74
Pigmentación de las nervaduras del envés de la hoja	239.27	48	0	0.33	0.63
Color de la hoja madura	75.98	24	0	0.23	0.41
Color de la hoja inmadura	274.00	48	0	0.35	0.65
Pigmentación del peciolo	379.54	36	0	0.41	0.71
Forma de la raíz reservante	209.15	48	0	0.31	0.60
Defectos de la superficie raíz reservante	300.88	30	0	0.40	0.67
Color predominante de la piel raíz	230.92	48	0	0.32	0.62
Intensidad color predominante de la piel	226.41	12	0	0.55	0.62

Continúa

Tabla 3.5: (Continuación)

Variable	Chi-cuadrado	gl	Sig. bilateral	V Cramer	Coefficiente contingencia
Color secundario de la piel	228.41	42	0	0.32	0.62
Color predominante de la carne de la raíz	423.86	42	0	0.44	0.73
Color secundario de la carne de la raíz	542.07	48	0	0.49	0.77
Distribución color secundario de la carne de la raíz	489.31	48	0	0.47	0.76
Presencia de floración	60.46	6	0	0.40	0.37
Formación de la raíz reservante	39.10	18	0	0.19	0.31
Variabilidad de la forma de la raíz	48.97	12	0	0.26	0.34
Producción de látex de la raíz reservante	43.56	12	0	0.24	0.32
Oxidación de la raíz reservante	61.81	12	0	0.29	0.38
Agrietamiento	94.92	18	0	0.29	0.45

3.2.3.2. Caracteres cuantitativos

Los valores discriminantes de los caracteres cuantitativos se calcularon en base a la prueba de Duncan (anexo J). De las 10 variables cualitativas evaluadas, se identificó como variable más discriminante al número de lóbulos de la hoja (tabla 3.6).

Tabla 3.6

Valores de la prueba de Duncan calculados para los descriptores cuantitativos a partir de los grupos definidos en el análisis de agrupamiento de Ward de 368 accesiones de camote.

Descriptor	Grupo 1	Grupo 2	Grupo 3	Grupo 4	Grupo 5	Grupo 6	Grupo 7	Estadístico de Levene	Sig.
Longitud de entrenudo	3.82 A	5.04 B	4.92 B	6.11 C	5.11 B	5.94 C	6.64 C	4.318	0.000
Número de lóbulos hoja	3.04 A	4.81 D	3.26 AB	4.00 BC	5.13 D	3.24 AB	4.63 CD	31.687	0.000
Tamaño de la hoja madura	11.66 A	12.45 AB	13.31 BC	13.92 C	12.75 AB	16.79 D	13.95 C	2.576	0.019
Longitud del peciolo	16.84 A	16.37 A	16.53 A	16.61 A	16.32 A	19.62 B	14.97 A	2.738	0.013
Unión raíz al tallo	5.03 A	5.35 AB	5.58 AB	6.49 B	5.86 AB	5.34 AB	6.45 B	4.527	0.000
Número de raíces reservantes por planta	1.74 BC	1.58 BC	2.46 D	0.84 A	1.83 C	2.01 CD	1.25 AB	2.355	0.030
Tamaño de la raíz reservante	20.08 B	16.36 A	21.67 BC	15.41 A	22.37 C	16.32 A	17.02 A	9.967	0.000
Peso de la raíz (g)	412.8 1 B	282.0 6 A	488.6 4 C	254. 96 A	460.9 3 BC	302.6 5 A	300.3 1 A	7.740	0.000
Diámetro entrenudo	0.553 B	0.528 B	0.558 B	0.50 4 AB	0.528 B	0.548 B	0.453 A	1.536	0.165
Grosor de la corteza	0.298 B	0.193 A	0.323 B	0.18 4 A	0.295 B	0.309 B	0.138 A	6.887	0.000

Letras distintas en la fila: existe diferencia significativa

3.2.4. Clasificación de los conglomerados

La tabla 3.7 muestran un resumen de la media y moda de las variables cuantitativas y cualitativas analizadas por grupos de conglomerados. En base a estos estadísticos es posible describir las características que definen a cada grupo.

Tabla 3.7

Resumen de estadística descriptiva variables cuantitativas y cualitativas a partir de los grupos definidos en el análisis de agrupamiento de Ward de 368 accesiones de camote.

Descriptor	grupo 1	grupo 2	grupo 3	grupo 4	grupo 5	grupo 6	grupo 7
Longitud del entrenudo (cm)	3.82	5.04	4.92	6.11	5.11	5.94	6.63
Numero de lóbulos	3	5	3	4	5	3	5
Tamaño de la hoja madura (cm)	11.66	12.45	13.31	13.92	12.75	16.79	13.95
Longitud del peciolo (cm)	16.84	16.36	16.52	16.60	16.32	19.62	14.91
Número raíces por planta	2	2	2	1	2	2	1
Unión de la raíz al tallo (cm)	5.03	5.35	5.57	6.48	5.86	5.34	6.44
Tamaño de la raíz (cm)	20.07	16.36	21.67	15.41	22.37	16.31	17.09
Peso de la raíz (g)	412.81	282.06	488.64	254.96	460.93	302.65	300.31
Diámetro entrenudo (cm)	0.55	0.52	0.56	0.50	0.52	0.54	0.45
Grosor corteza (cm)	0.29	0.19	0.32	0.18	0.29	0.30	0.13
Enroscamiento	No	No	No	No	No	No	Moderado
Cobertura del suelo	Alto	Bajo	Bajo	Bajo	Alto	Medio	Bajo
Color predominante tallos	Moderadamente morado	Verde manchasmoradasoscuras	Verde	Verde	Moderadamente morado	Verde manchasmoradasoscuras	Verde manchasmoradasoscuras
Color secundario tallo	Ápice verde	Ápice morado	Ausente	Ápice verde	Ápice verde	Nudos morados	Nudos morados

Continúa

Tabla 3.7: (Continuación)

Descriptor	grupo 1	grupo 2	grupo 3	grupo 4	grupo 5	grupo 6	grupo 7
Pubescencia tallos	Ausente	Ausente	Ausente	Ralo	Ausente	Ausente	Moderado
Forma perfil hoja	Triangular	Lobulada	Triangular	Cordada	Cordada	Hastada	Cordada
Tipo lóbulo hoja	Superficiales	Moderadas	Superficiales	Muy superficiales	Muy superficiales	Superficiales	Muy superficiales
Forma lóbulo central	Triangular	Lanceolado	Semi-elíptico	Dentado	Triangular	Semi-elíptico	Dentado
Pigmentación nervaduras	Todas las nervaduras mayor o totalmente morada	Nervadura principal parcialmente morada	Mancha morada en la base de la nervadura principal	Mancha morada en la base nervadura principal	Todas las nervaduras mayor o totalmente morada	Todas las nervaduras mayormente morada	Mancha morada en la base nervadura principal
Color hoja madura	Verde	Verde	Verde	Verde	Verde	Verde	Verde
Color hoja inmadura	Verde con borde morado	Verde con borde morado	Verde con borde morado	Verde con borde morado	Verde con borde morado	Ligeramente morada	Verde con borde morado
Pigmentación peciolo	Totalmente o mayormente morado	Verde con banda moradas	Verde	Verde	Totalmente o mayormente morado	Verde con banda moradas	Verde
Forma de la raíz	Largo elíptica	Elíptica	Largo elíptica	Elíptica	Largo elíptica	Elíptica	Elíptica
Defectos superficie	Hendidura longitudinales superficiales	Hendidura longitudinales superficiales	Hendidura longitudinales superficiales	Hendidura longitudinales superficiales	Hendidura longitudinales superficiales	Parecido a la piel de cocodrilo	Parecido a la piel de cocodrilo

Continúa

Tabla 3.7: (Continuación)

Descriptor	grupo 1	grupo 2	grupo 3	grupo 4	grupo 5	grupo 6	grupo 7
Color predominante piel	Rosado	Rosado	Rosado	Rosado	Amarillo	Rosado	Rosado
Intensidad color predominante	Intermedio	Oscuro	Pálido	Oscuro	Intermedio	Oscuro	Intermedio
Color secundario piel	Crema	Ausente	Crema	Ausente	Ausente	Ausente	Ausente
Color predominante carne	Rojo-morado	Amarillo	Amarillo	Amarillo	Amarillo	Blanco	Amarillo
Color secundario carne	Rosado	Morado	Ausente	Ausente	Anaranjado	Morado	Ausente
Distribución color secundario carne	Cubriendo la mayor parte de la carne	Manchas esparcidas	Anillo ancho en la corteza	Ausente	Manchas esparcidas	Anillo y otras áreas pigmentadas	Ausente
Presencia flor	Ausencia	Presencia	Presencia	Ausencia	Presencia	Presencia	Ausencia
Formación raíz	Disperso	Disperso	Disperso	Disperso	Disperso	Disperso	Racimo abierto
Variabilidad forma	Ligeramente variable	Ligeramente variable	Ligeramente variable	Ligeramente variable	Ligeramente variable	Ligeramente variable	Ligeramente variable
Látex	Poco	Poco	Poco	Poco	Poco	Poco	Poco
Oxidación	Poco	Poco	Poco	Algo	Poco	Algo	Algo
Agrietamiento	Ausente	Ausente	Poco agrietamiento	Ausente	Ausente	Ausente	Ausente

3.2.4.1. GRUPO 1

Conformado por 50 accesiones de las provincias de El Oro (1), Esmeraldas (5), Guayas (22), Loja (1), Los Ríos (1), Manabí (13) y Santa Elena (7).

El 90% de las accesiones de este grupo se caracterizan por ser no enroscantes, poseen un porcentaje de cobertura del suelo alto (mayor al 90%), el 78% posee tallos moderadamente morados con la base verde, sin pubescencia. La hoja es de forma triangular en el 56% de accesiones con lóbulos superficiales donde el lóbulo central se caracteriza por ser triangular, el 84% de accesiones tienen nervaduras que son mayor o totalmente moradas. Las hojas maduras son de color verde mientras que las hojas inmaduras son verdes con bordes morados. En el 98% de las accesiones el peciolo es totalmente morado.

En este grupo la raíz reservante en el 58% de accesiones es larga elíptica seguida por un 18% de forma elíptica con hendiduras longitudinales superficiales en la piel de la raíz y de color rosado intermedio con color secundario crema. El interior de la raíz presenta color morado en 98% de las accesiones y color rosado como secundario, el que se encuentra cubriendo la mayor parte de la carne.



Figura 3.3: Características principales presentes en el conglomerado 1, definido por el método de Ward en 368 accesiones de camote (*Ipomoea batatas* L.). En la fotografía la accesión ECU 19365.

La distribución de las raíces reservantes en el tallo es de manera dispersa a lo largo de los entrenudos y la forma de la raíz es ligeramente variable. La producción de látex es escasa y el 78% de las accesiones no presentan oxidación en la raíz, ni agrietamientos. Dentro de este grupo el 88% de las accesiones no presentan floración.

3.2.4.2. GRUPO 2

Conformado por 84 accesiones de las provincias del Azuay (2), Chimborazo (2), El Oro (9), Esmeraldas (8), Francisco de Orellana (1), Guayas (11), Loja (6), Los Ríos (3), Manabí (20), Morona Santiago, Napo (3), Pastaza (2), Santa Elena (6), Santo Domingo (3), Sucumbíos (3) y Zamora Chinchipe (4).

El 92.9% de las accesiones de este grupo se caracterizan por ser no enroscantes, poseen un porcentaje de cobertura del suelo bajo (menor al 50%), sus tallos son verdes con manchas moradas oscuras y ápice morado sin pubescencia. La forma de la hoja en el 89.3% de las accesiones es lobulada con lóbulos moderados y el lóbulo central es lanceolado, la nervadura principal es parcialmente morada. La hoja madura es de color verde y las hojas inmaduras son verdes con bordes moradas. El peciolo en el 57.1% de accesiones presenta coloración verde con bandas moradas.



Figura 3.4: Características principales presentes en el conglomerado 2, definido por el método de Ward en 368 accesiones de camote (*Ipomoea batatas* L.). En la fotografía parte superior accesión ECU 19174 parte inferior accesión ECU 19217.

La raíz reservante se caracteriza por ser elíptica (36.9%), larga elíptica (21.4%) y obovada (17.9%); con hendiduras longitudinales superficiales. El color predominante de la piel es rosado oscuro (33.3%), morado oscuro (29.8%), rojo-morado (15.5%) con diferentes intensidades. En el interior de la raíz reservante el 25%

de accesiones son de color amarillo, el 23.8% crema, con colores secundario morados o rosados distribuido al interior como manchas esparcidas.

Las raíces reservantes en el tallo se distribuyen dispersamente a lo largo de los entrenudos y su forma es ligeramente variable, no existe producción de látex, oxidación y agrietamientos en la raíz. El 66.7% de accesiones de este grupo presentan floración.

3.2.4.3. GRUPO 3

Conformado por 27 accesiones de las provincias de El Oro (2), Esmeraldas (9), Guayas (6), Manabí (7), Santo Domingo (1) y Zamora Chinchipe (2).

Los materiales se caracterizan principalmente por ser no enroscantes, poseen un porcentaje de cobertura del suelo bajo (menor al 50%), el color de sus tallos es verde sin color secundario ni pubescencia. La forma de la hoja en el 37% de las accesiones es triangular, 29% poseen hojas de forma cordada con lóbulos superficiales y el lóbulo central es principalmente semi elíptico, se caracterizan por presentar una mancha morada en la base de la nervadura principal. La hoja madura es de color verde y las hojas inmaduras poseen el borde morado con peciolo verdes.

La raíz reservante se caracteriza por ser largo elíptica en el 56% de las accesiones, con hendiduras longitudinales. El color predominante de la piel de la raíz es rosado pálido (74.1%), con color secundario crema (59.3%) o ausente (40.7%). El interior de la raíz reservante es de color amarillo en el 60% de las accesiones y crema en el porcentaje restante, con color secundario rosado (25.9%) o sin color (51%).

El 56% de accesiones de este grupo presentan floración. Las raíces reservantes en el tallo se distribuyen de manera dispersas, la forma de la raíz es ligeramente variable y la producción de látex y la oxidación de la raíz es escasa, presentan pocos agrietamientos



Figura 3.5: Características principales presentes en el conglomerado 3, definido por el método de Ward en 368 accesiones de camote (*Ipomoea batatas* L.). En la fotografía parte superior accesión ECU 19327 parte inferior accesión ECU 19166.

3.2.4.4. GRUPO 4

Conformado por 94 accesiones de las provincias de Azuay (12), Chimborazo (11), El Oro (4), Esmeraldas (9), Francisco de Orellana (4), Guayas (1), Loja (15), Los Ríos (1), Manabí (3), Morona (5), Napo (6), Pastaza (11), Pichincha (2), Santa Elena (1), Sucumbíos (2) y Zamora Chinchipe (7).

Los materiales se caracterizan principalmente por ser no enroscantes, poseen un porcentaje de cobertura del suelo bajo (menor al 50%), sus tallos son verdes con pubescencia rala. La forma de la hoja es cordada en el 72.3% de accesiones, con lóbulos muy superficiales donde el lóbulo central es dentado, con nervaduras verdes. El color de la hoja madura es verde y las hojas inmaduras poseen el borde morado y el peciolo es verde.

La raíz reservante se caracteriza por ser redonda elíptica (33%), elíptica (34%) o largo elíptica (21.3%) con hendiduras longitudinales, el color predominante de la piel es rosado (41%) y amarillo (33%) variando entre ellas en la intensidad del color, en el 60% de accesiones no existe color secundario en la piel. El interior de la raíz reservante

es de color amarillo (48%), blanco (25%) y anaranjado (15%), con color secundario ausente.

El 66% de accesiones no presentan floración. Las raíces reservantes en el tallo crece de manera dispersa, la forma de la raíz es ligeramente variable, la producción de látex es escasa y no presenta agrietamientos.



Figura 3.6: Características principales presentes en el conglomerado 4, definido por el método de Ward en 368 accesiones de camote (*Ipomoea batatas* L.). En la fotografía parte superior accesión ECU 19048 parte inferior accesión ECU 19023.

3.2.4.5. GRUPO 5

Conformado por 31 accesiones de las provincias de El Oro (4), Guayas (11), Los Ríos (7), Manabí (7), Napo (1) y Santa Elena (1).

Los materiales se caracterizan principalmente por ser no enroscantes (96.8%), poseen un porcentaje de cobertura del suelo alto (75% y 90%), sus tallos son moderadamente morados con el ápice verde sin pubescencia (41.9%), la forma de la hoja es cordada en el 74.2% de accesiones con lóbulos muy superficial, el lóbulo central es triangular. Las nervaduras son parcial o totalmente moradas, el color de la hoja madura es verde y las hojas inmaduras poseen el borde morado, el peciolo es totalmente morado.

La raíz reservante se caracteriza por ser largo elíptica en el 45.2% de las accesiones y largo curvada en el 38.7%, con hendiduras longitudinales. El color predominante de la piel de la raíz en el 49% de las accesiones es amarillo intermedio sin color secundario. El interior de la raíz reservante es de color amarillo, con color secundario anaranjado en forma de manchas esparcidas por toda la carne.

El 74.2% de las accesiones de este grupo presentan floración. Las raíces reservantes en el tallo es dispersa, la forma de la raíz es uniforme y la producción de látex y la oxidación es escasa y no presenta agrietamientos.



Figura 3.7: Características principales presentes en el conglomerado 5, definido por el método de Ward en 368 accesiones de camote (*Ipomoea batatas* L.). En la fotografía parte superior accesión ECU 19438.

3.2.4.6. GRUPO 6

Conformado por 66 accesiones de las provincias de Azuay (1), Esmeraldas (35), Francisco de Orellana (2), Guayas (1), Loja (2), Los Ríos (7), Manabí (8), Napo (2), Santa Elena (2), Santo Domingo (3) y Sucumbíos (3).

Los materiales se caracterizan principalmente por ser no enroscantes, poseen un porcentaje de cobertura del suelo medio entre el 50 y 74%, sus tallos son verdes con manchas morados oscuras y nudos morados sin pubescencia. La forma de la hoja es hastada (51.5%) o lobulada (27.3%) con lóbulos superficiales, el lóbulo central de la hoja es semi elíptico, con las nervaduras mayor o totalmente moradas. El color de la hoja madura es verde y las hojas inmaduras son ligeramente moradas con peciolos verdes con bandas moradas (69.7%).

La raíz reservante se caracteriza por ser elíptica (72.7%) con texturas superficiales parecidas a la piel de cocodrilo (65.2%). El color predominante de piel de la raíz es morado oscuro sin color secundario. El interior de la raíz reservante en el 83.3% de las accesiones es blanco con color secundario morado distribuido en forma de anillo y en otras áreas de la carne.

El 63.6% de las accesiones dentro del grupo presentan floración y las raíces reservantes se distribuyen de manera dispersa en el tallo, la forma de la raíz es ligeramente variable, la producción de látex es escasa y no presenta agrietamientos.



Figura 3.8: Características principales presentes en el conglomerado 6, definido por el método de Ward en 368 accesiones de camote (*Ipomoea batatas* L.). En la fotografía parte superior accesión ECU 19252.

3.2.4.7. GRUPO 7

Conformado por 16 accesiones de las provincias de Santo Domingo (8), Pichincha (1), El Oro (1), Zamora Chinchipe (1), Morona Santiago (1), Pastaza (2), Sucumbíos (1) y Napo (1).

Los materiales se caracterizan principalmente por ser moderadamente enroscantes (56.3%), poseen un porcentaje de cobertura del suelo bajo (menor al 50%), sus tallos son verdes con manchas moradas y ápice morado con pubescencia moderada. La forma de la hoja es cordada (68.8%) o triangular (31.3%) con lóbulos muy superficiales, el lóbulo central de la hoja es dentado, y presenta manchas moradas en la base de la nervadura principal. La hoja madura es de color verde y las hojas inmaduras son verdes con bordes morados, el peciolo es verde.

La raíz reservante se caracteriza por ser elíptica con texturas en la piel parecidas a la piel de cocodrilo (31.3) o con hendiduras longitudinales (31.3%). El color predominante de la piel de la raíz es rosado en el 69% de las accesiones y rojo morado en el porcentaje restante, sin color secundario. El interior de la raíz reservante es amarillo sin color secundario.

El 56.3% de las accesiones en este grupo no presentan floración y la distribución de las raíces reservantes en el tallo es uniforme, la forma de la raíz es ligeramente variable, la producción de látex es escasa, existe oxidación en la raíz y no presenta agrietamientos.



Figura 3.9: Características principales presentes en el conglomerado 7, definido por el método de Ward en 368 accesiones de camote (*Ipomoea batatas* L.). En la fotografía parte superior accesión ECU 19493.

3.2.5. Análisis de caracteres discriminantes en el caso de floración

Considerando que desde el punto de vista agrícola, las características de la flor tienen importancia para la diferenciación y reconocimiento de variedades; se realizó un análisis de conglomerados jerárquicos con 179 accesiones que presentaron floración, usando 46 descriptores cuantitativos y cualitativos. El dendograma se muestra en el anexo G (figura G.2), se formaron 6 agrupamientos.

El análisis discriminante mostró, que de los tres caracteres cuantitativos evaluados la variable de número de venas por sépalo posee alta discriminación con un valor de estadístico de Levene de 14.77, lo que no ocurre con el largo y ancho de la flor (tabla G.4). Para las características cualitativas se observó que las variables más discriminantes son el color de la flor, color de los sépalos, color y posición del estigma.

A continuación se detalla la frecuencia de cada una de las características cualitativas observadas por grupos de conglomerados.

3.2.5.1. Hábito de floración

De las 179 accesiones que presentaron floración 128 tienen un hábito de floración ralo, 45 con hábito de floración moderado y 6 florecen profusamente. El valor para la prueba de Chi-cuadrado fue de 19.01 por lo que no se puede considerar como carácter discriminante, la distribución de la variable en los grupos se observa en la figura 3.10.

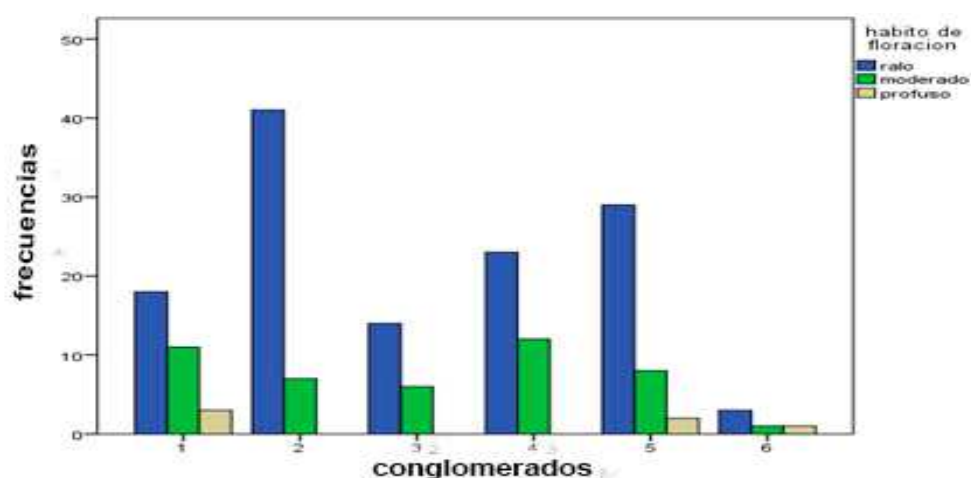


Figura 3.11: Distribución del hábito de floración por conglomerados, luego del análisis de agrupamiento jerárquico, para 179 accesiones de camote que presentan floración a las condiciones de siembra de la Estación Experimental Tropical Pichilingue INIAP.

3.2.5.2. Color de la flor

De las 179 accesiones evaluadas con floración, 38 presentan color de flor con limbo blanco y garganta morada, 87 tienen el limbo blanco con un anillo morado pálido y garganta morada, 34 tienen el limbo morado pálido con garganta morada, 17 son completamente moradas y 3 presentan otros colores como blanco completo y limbos blancos con la base de la garganta rosado pálido.

La prueba de chi-cuadrado para esta variable presenta un valor de 118.43 por lo que se puede decir que influye en la discriminación de los grupos. Como se observa

en la figura 3.11 el grupo 6 se caracteriza por poseer flores de color completamente morado, mientras que en el grupo 2 y grupo 5 se encuentran todos los tipos de colores de flor.

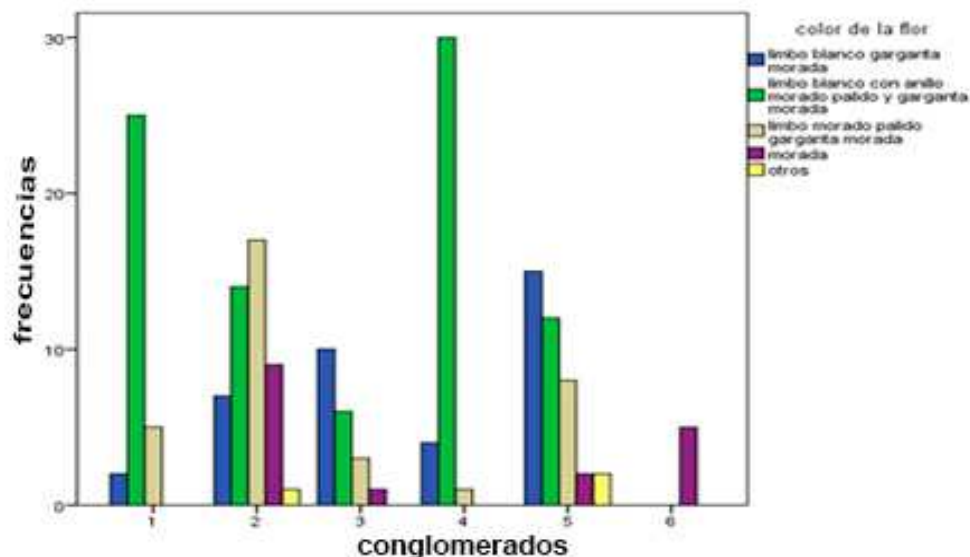


Figura 3.11: Distribución del color de la flor por conglomerados, luego del análisis de agrupamiento jerárquico, para 179 accesiones de camote que presentan floración a las condiciones de siembra de la Estación Experimental Tropical Pichilingue INIAP.

3.2.5.3. Forma del limbo

De las 179 accesiones que presentaron floración, 133 presentan el limbo redondo, 29 tienen limbo pentagonal y 17 limbo semi-estrellado. El valor de la prueba de chi-cuadrado para esta variable fue de 34.77 por lo que no se puede considerar una variable discriminante de grupos. En la figura 3.12 observamos la distribución de la variable, en el grupo 6 se encuentran únicamente flores con el limbo redondo.

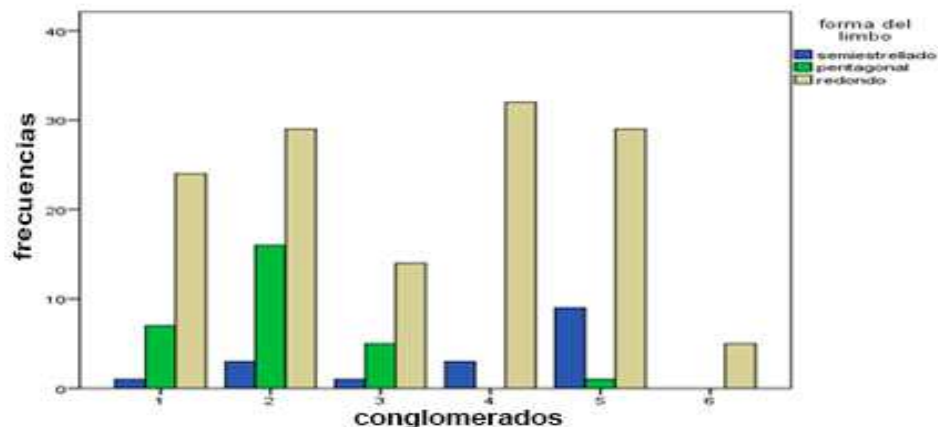


Figura 3.12: Distribución de la forma del limbo por conglomerados, luego del análisis de agrupamiento jerárquico, para 179 accesiones de camote que presentan floración a las condiciones de siembra de la Estación Experimental Tropical Pichilingue INIAP.

3.2.5.4. Forma de los sépalos

De las 179 accesiones que presentaron floración, 118 presentan sépalos de forma elíptica, 5 son ovada, 5 obovada y 51 lanceoladas. El valor de la prueba de chi-cuadrado para esta variable fue de 67.51 por lo que no se puede considerar una variable significativamente discriminante de grupos. En la figura 3.13. observamos la distribución de la variable para cada grupo.

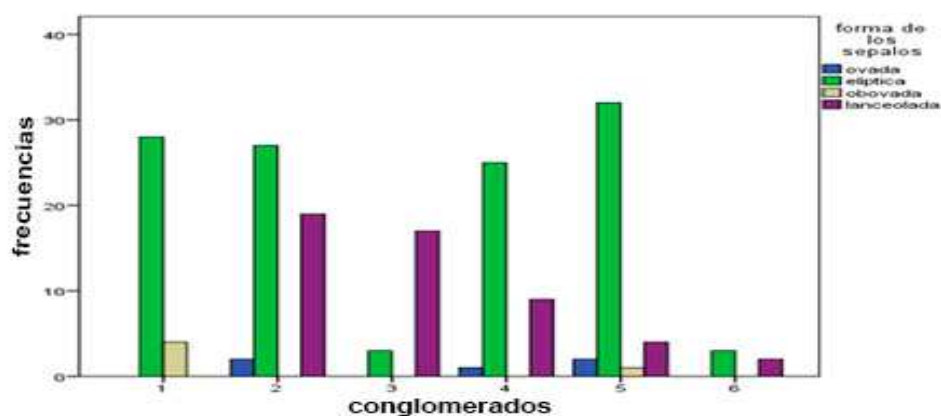


Figura 3.13: Distribución de la forma de los sépalos por conglomerados, luego del análisis de agrupamiento jerárquico, para 179 accesiones de camote que

presentan floración a las condiciones de siembra de la Estación Experimental Tropical Pichilingue INIAP.

3.2.5.5. Ápice de los sépalos

De las 179 accesiones que presentaron floración, 77 presentan sépalos con ápice agudo, 34 ápice obtuso, 59 ápice acuminado y 9 con ápice caudado. El valor de la prueba de chi-cuadrado para esta variable fue de 70.67 por lo que no se puede considerar una variable significativa para la discriminación de grupos (figura 3.14).

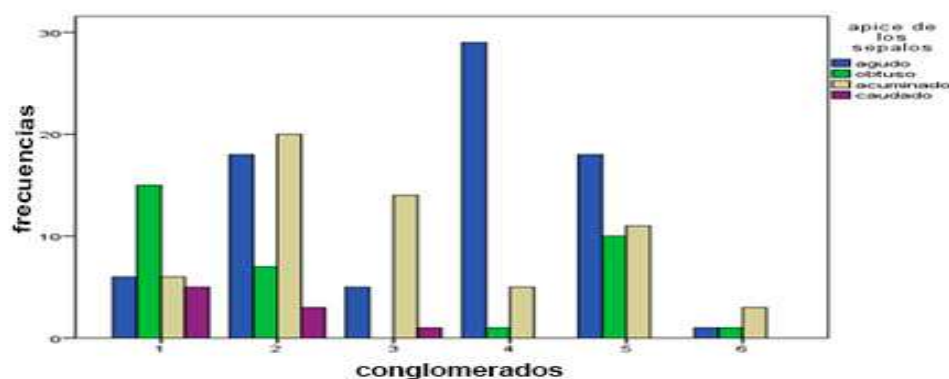


Figura 3.14: Distribución del ápice de los sépalos por conglomerados, luego del análisis de agrupamiento jerárquico, para 179 accesiones de camote que presentan floración a las condiciones de siembra de la Estación Experimental Tropical Pichilingue INIAP.

3.2.5.6. Pubescencia de los sépalos

De las 179 accesiones que presentaron floración, 144 no presentan pubescencia, 25 tienen pubescencia rala y 10 presentan pubescencia moderada. El valor de la prueba de chi-cuadrado para esta variable fue de 39.09 por lo que no se puede considerar una variable discriminante. En los grupos 2, 5 y 6 se encuentran flores con los tres tipos de pubescencia en el grupo 4 solamente flores sin pubescencia y en los grupos 2 y 3 flores con pubescencia rala y ausente (figura 3.15).

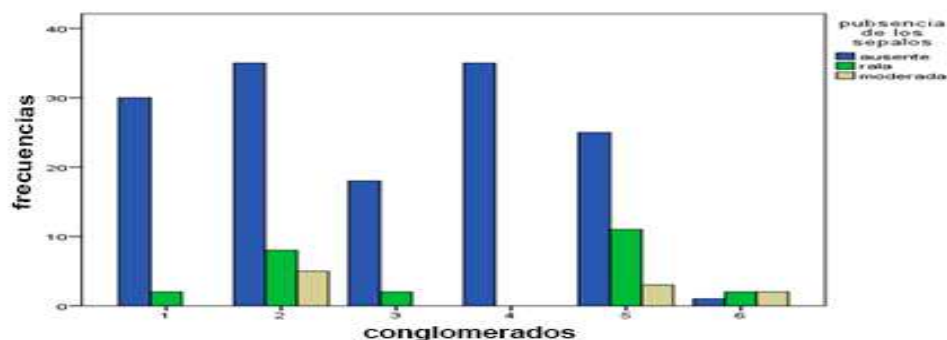


Figura 3.15: Distribución de la pubescencia de los sépalos por conglomerados, luego del análisis de agrupamiento jerárquico, para 179 accesiones de camote que presentan floración a las condiciones de siembra de la Estación Experimental Tropical Pichilingue INIAP.

3.2.5.7. Color de los sépalos

De las 179 accesiones que presentaron floración, 59 tienen sépalos verdes, 22 sépalos verdes con bordes morados, 14 sépalos verdes con manchas moradas, 63 sépalos verdes con áreas moradas, 11 tienen algunos sépalos verdes y otros morados, 8 tienen sépalos totalmente pigmentados morado pálido y 2 sépalos totalmente pigmentados morados oscuros. El valor de la prueba de chi-cuadrado para esta variable fue de 171.53 por lo que se considera una variable discriminante de grupos (figura 3.16).

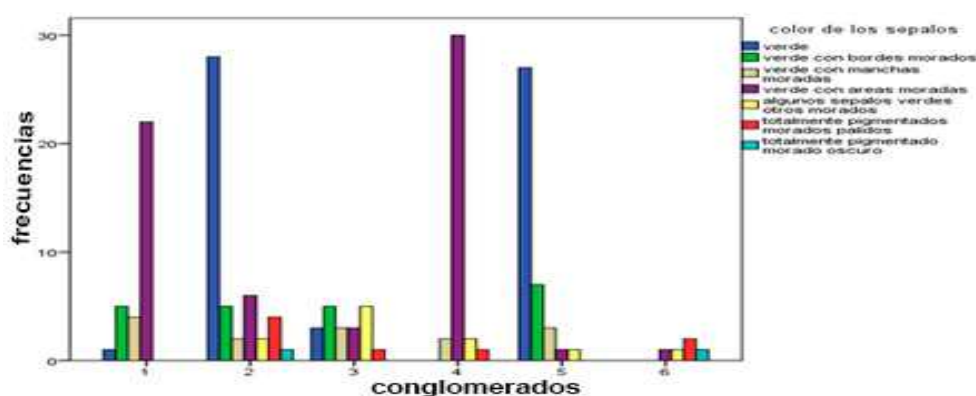


Figura 3.16: Distribución del color de los sépalos por conglomerados, luego del análisis de agrupamiento jerárquico, para 179 accesiones de camote que

presentan floración a las condiciones de siembra de la Estación Experimental Tropical Pichilingue INIAP.

3.2.5.8. Color del estigma

De las 179 accesiones que presentaron floración, 174 tienen estigma blanco, 4 estigma de color morado pálido y 1 accesión con estigma morado. El valor de la prueba de chi-cuadrado para esta variable fue de 115.93 por lo que se considera una variable discriminante de grupos. En el grupo 6 se encuentran distribuidas los tres tipos de colores de estigma, en el grupo 1 flores con estigma blanco y morado pálido, el resto de grupos únicamente con estigmas blancos (figura 3.17).

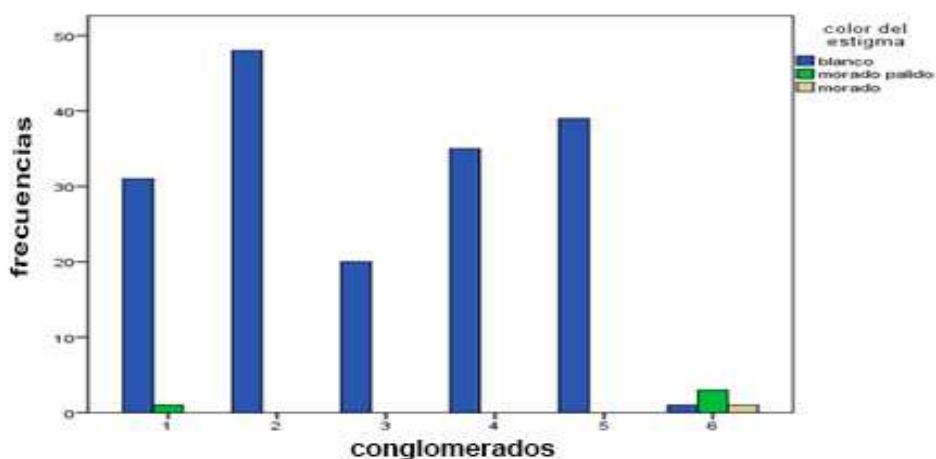


Figura 3.17: Distribución del color del estigma por conglomerados, luego del análisis de agrupamiento jerárquico, para 179 accesiones de camote que presentan floración a las condiciones de siembra de la Estación Experimental Tropical Pichilingue INIAP.

3.2.5.9. Color del estilo

De las 179 accesiones que presentaron floración, 102 tienen estilo blanco, 54 estilo blanco con morado en la base, 13 estilo blanco con morado en el ápice, 9 estilo blanco con manchas moradas y una accesión con estilo morado. El valor de la prueba de chi-cuadrado para esta variable fue de 74.56 por lo que no se puede considerar una variable discriminante de grupos. En la figura 3.18 se muestra la distribución de la variable

dentro de los grupos, se observa que el grupo 3 es el único que posee flores con estilo morado.

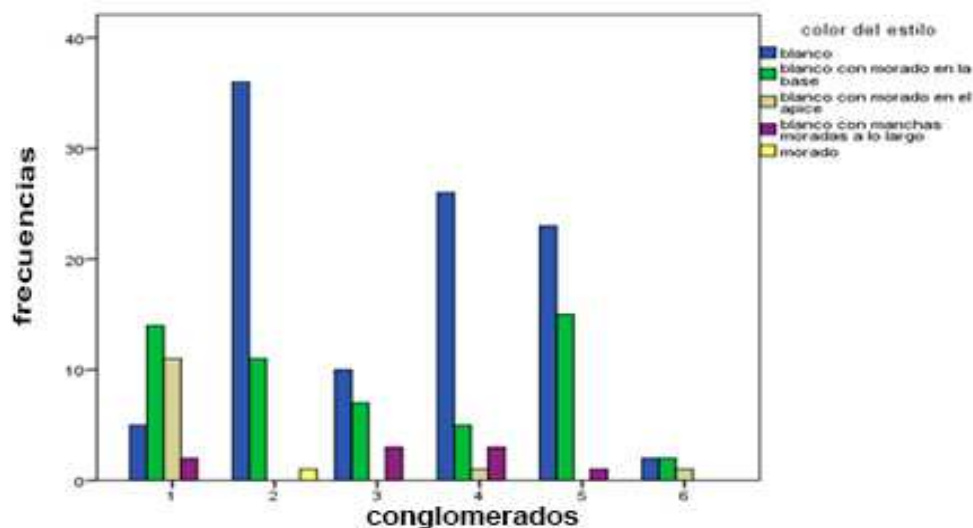


Figura 3.18: Distribución del color del estilo por conglomerados, luego del análisis de agrupamiento jerárquico, para 179 accesiones de camote que presentan floración a las condiciones de siembra de la Estación Experimental Tropical Pichilingue INIAP.

3.2.5.10. Posición del estigma

De las 179 accesiones que presentaron floración, 114 tienen estigma inserto, 22 estigma de igual altura que el estilo, 18 poseen estigma ligeramente exerto y 25 accesiones con estigma completamente exerto.

El valor de la prueba de chi-cuadrado para esta variable fue de 93.82 por lo que no se puede considerar una variable discriminante de grupos. En la figura 3.19 se muestra la distribución de la variable dentro de los grupos, se observa que el grupo 4 está compuesto únicamente por flores con estigma inserto.

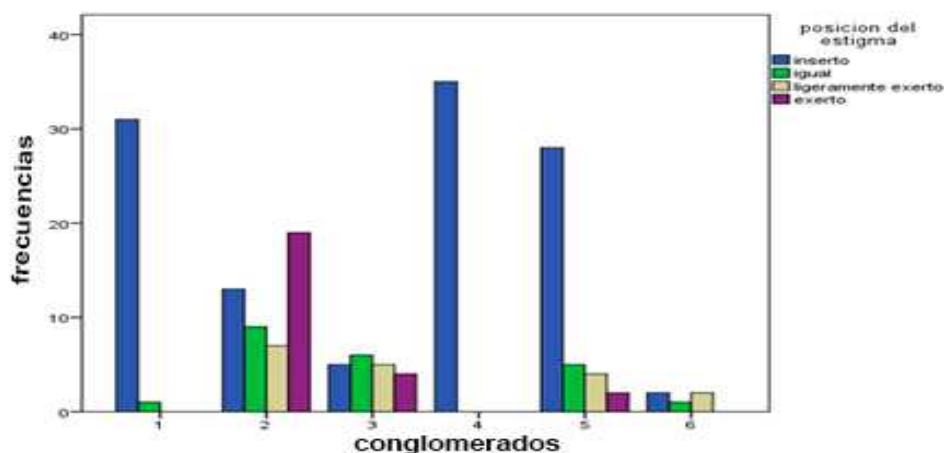


Figura 3.19: Distribución de la posición del estigma por conglomerados, luego del análisis de agrupamiento jerárquico, para 179 accesiones de camote que presentan floración a las condiciones de siembra de la Estación Experimental Tropical Pichilingue INIAP.

En la figura 3.20, se observa las principales características presentes en las flores de cada uno de los grupos formados por el análisis de conglomerados.

El grupo 1 se caracteriza por tener flores con limbo blanco con un anillo morado pálido y sépalos verdes con áreas moradas; el grupo 2 posee flores con limbo morado pálido y sépalos verdes, grupo 3 tiene flores de limbo blanco con algunos sépalos verdes y otros morados, el grupo 4 flores con limbo blanco con sépalos verdes con manchas moradas, el grupo 5 hay flores blancas con la base de la garganta rosada y con sépalos verdes, finalmente el grupo 6 tiene flores completamente moradas con sépalos totalmente morados.

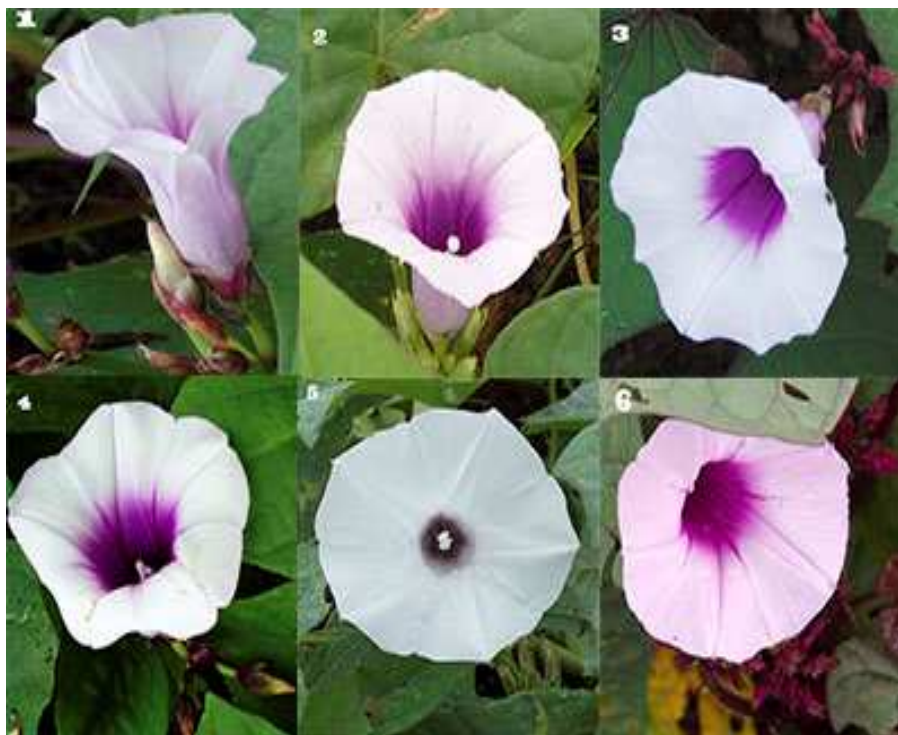


Figura 3.20: Características de las flores para los grupos formados por el análisis de conglomerados jerárquico en 179 accesiones de camote. 1. ECU 19286, 2. ECU 19264, 3. ECU 19394, 4. ECU 19263, 5. ECU 19426, 6. ECU 19387.

3.2.6. Descripción de los morfotipos

En base a los resultados anteriores es posible describir cada uno de los morfotipos (categoría en la que un individuo está clasificado de acuerdo con sus características) formados dentro del análisis de conglomerados jerárquicos de 368 accesiones de camote (figura 3.2).

3.2.6.1. Morfotipos grupo 1

Dentro del grupo 1 se observan 3 morfotipos. El primer morfotipo formado por 14 accesiones, el segundo morfotipo por 25 accesiones y el tercero por 11 accesiones.

La tabla 3.8 muestra los códigos de los morfotipos, lugares de origen y accesiones con floración.

Tabla 3.8

Morfotipos formados dentro del grupo 1, definido por el método de Ward en 368 accesiones de camote (*Ipomoea batatas* L.)

GRUPO 1							
morfotipo 1		morfotipo 2		morfotipo 3			
19389	El Oro	19266	Esmeraldas	19321	Guayas	19170 ¹	Manabí
19381	Guayas	19325	Guayas	19202	Manabí	19176	Manabí
19383	Guayas	19326	Guayas	19205	Manabí	19185	Manabí
19386	Guayas	19339	Guayas	19163	Manabí	19237	Esmeraldas
19359 ²	Guayas	19317	Guayas	19192	Manabí	19238	Esmeraldas
19360	Guayas	19355	Guayas	19201	Manabí	19265	Esmeraldas
19434 ⁶	Los Ríos	19356	Guayas	19199	Manabí	19279	Esmeraldas
19186	Manabí	19328 ²	Guayas	19210	Manabí	19337	Guayas
19177	Manabí	19340	Guayas	19167 ²	Manabí	19343	Guayas
19379	Santa Elena	19349	Guayas	19369	Santa Elena	19344	Guayas
19366	Santa Elena	19350	Guayas	19370	Santa Elena	19422	Loja
19365	Santa Elena	19351	Guayas				
19372	Santa Elena	19334	Guayas				
19378	Santa Elena	19338	Guayas				

Subíndices: grupo al que pertenecen las accesiones en el análisis de conglomerados con floración.

En la tabla H.1 se observa cuáles son las principales diferencias dentro de cada uno de los morfotipos. Existen cambios en la forma del perfil de la hoja triangular y hastada, los defectos de la superficie de la raíz y el color secundario de la carne es blanco y rosado.

En el morfotipo 1 las hojas son triangulares con camotes de color rosado pálido y el color secundario de la carne es blanco. En el morfotipo 2 las hojas son triangulares con camotes rosados intermedios y el color secundario de la carne es rosado. Para el morfotipo 3 las hojas son hastadas con camotes rosados intermedios y color de la carne rosado.

Dentro del grupo uno se presentó floración en 2 accesiones del morfotipo 1 (ECU 19359 y ECU 19434), 2 accesiones del morfotipo 2 (ECU 19167 y ECU 19328) y 1 accesión dentro del morfotipo 3 (ECU 19170).

3.2.6.2. Morfotipos grupo 2

Dentro del grupo 2 se observan 9 morfotipos, conformados por el siguiente número de accesiones: 11, 26, 5, 13, 6, 10, 7, 2 y 4 respectivamente. La tabla 3.9 muestra los códigos de los morfotipos, lugares de origen y accesiones con floración.

En la tabla H.2 se observa cuáles son las principales diferencias dentro de cada uno de los morfotipos. Todos los morfotipos excepto el morfotipo 8 tienen hojas lobuladas, la forma de la raíz varía entre redonda elíptica (morfotipo 5) y largo elíptica, con hendiduras superficiales o venas (morfotipo 3 y 4). El color predominante de la piel: es rosado (morfotipo 1, 6, 7, 8, 9), morado oscuro (morfotipo 2), amarillo (morfotipo 3, 5) variando en la intensidad.

3.2.6.3. Morfotipo grupo 3

Dentro del grupo 3 se observan 3 morfotipos. El primer morfotipo formado por 11 accesiones, el segundo morfotipo por 9 accesiones y el tercero por 7 accesiones. La tabla 3.10 muestra los códigos de las accesiones dentro de cada morfotipo, lugares de origen y accesiones con floración.

En la tabla H.3 se observa cuáles son las principales diferencias dentro de cada uno de los morfotipos. Existen cambios en la forma del perfil de la hoja triangular (morfotipo 1 y 3) y cordada (morfotipo 2), la forma del lóbulo central de la hoja triangular, semi-elíptico y dentado, además de las diferencias en el color secundario de la carne rosado, ausente y anaranjado.

Tabla 3.9

Morfotipos formados dentro del grupo 1, definido por el método de Ward en 368 accesiones de camote (*Ipomoea batatas* L.)

morfotipo 1		morfotipo 2		morfotipo 3		morfotipo 5		morfotipo 7	
19164 ¹	Manabí	19295	Esmeraldas	19357 ²	Guayas	19041 ²	Loja	19168	Manabí
19165 ¹	Manabí	19296 ¹	Esmeraldas	19443 ²	Zamora C.	19069 ²	Azuay	19171	Manabí
19169 ¹	Manabí	19322 ¹	Guayas	19455	Zamora C.	19254 ²	Esmeraldas	19178 ²	Manabí
19173 ¹	Manabí	19329 ¹	Guayas	19459	Morona S.	19363 ²	Santa Elena	19181 ²	Manabí
19191 ¹	Manabí	19368 ⁵	Santa Elena	19498	Francisco O.	19375	Santa Elena	19182	Manabí
19203 ¹	Manabí	19371 ¹	Santa Elena		morfotipo 4	19409	El Oro	19183 ²	Manabí
19212 ¹	Manabí	19373 ¹	Santa Elena	19061	Azuay		morfotipo 6	19311 ²	Guayas
19216	Sto. Domingo	19382 ¹	Guayas	19217	Sto. Domingo	19029 ²	Chimborazo		morfotipo 8
19282	Esmeraldas	19390 ¹	El Oro	19221 ²	Sto. Domingo	19032 ²	Chimborazo	19353 ⁵	Guayas
19286 ¹	Esmeraldas	19392 ¹	El Oro	19364	Santa Elena	19198	Manabí	19448 ²	Zamora C.
19315 ¹	Guayas	19396 ²	El Oro	19456	Zamora C.	19239 ²	Esmeraldas		morfotipo 9
	morfotipo 2	19397	El Oro	19475	Pastaza	19347 ³	Guayas	19179 ²	Manabí
19047 ¹	Loja	19403	El Oro	19481	Pastaza	19348 ²	Guayas	19189 ²	Manabí
19049 ¹	Loja	19404 ¹	El Oro	19483	Sucumbíos	19361 ²	Guayas	19193 ²	Manabí
19174 ²	Manabí	19411 ¹	El Oro	19485	Sucumbíos	19393	El Oro	19316 ⁶	Guayas
19190 ¹	Manabí	19412 ¹	Loja	19492	Sucumbíos	19419	Loja		
19207 ²	Manabí	19421 ¹	Loja	19503	Napo	19440	Los Ríos		
19283	Esmeraldas	19517 ¹	Los Ríos	19511	Napo				
19289 ¹	Esmeraldas	19518 ¹	Los Ríos	19512	Napo				

Subíndices: grupo al que pertenecen las accesiones en el análisis de conglomerados con floración.

Tabla 3.10

Morfotipos formados dentro del grupo 3, definido por el método de Ward en 368 accesiones de camote (*Ipomoea batatas* L.)

Grupo 3					
morfotipo 1		morfotipo 2		morfotipo 3	
19427	El Oro	19410	El Oro	19292 ²	Esmeraldas
19257	Esmeraldas	19247 ²	Esmeraldas	19294	Esmeraldas
19277 ²	Esmeraldas	19267 ²	Esmeraldas	19302	Esmeraldas
19327 ²	Guayas	19244	Esmeraldas	19264 ²	Esmeraldas
19352 ²	Guayas	19314 ²	Guayas	19385	Guayas
19330	Guayas	19166 ²	Manabí	18309 ⁵	Zamora C.
19320	Guayas	19208 ²	Manabí	19442 ⁵	Zamora C.
19211	Manabí	19175	Manabí		
19204	Manabí	19184 ²	Manabí		
19180 ²	Manabí				
19228 ²	Sto. Domingo				

Subíndices: grupo al que pertenecen las accesiones en el análisis de conglomerados con floración.

3.2.6.4. Morfotipo grupo 4

Dentro del grupo 4 se observan 10 morfotipos. Conformados por el siguiente número de accesiones: 4, 5, 5, 13, 13, 10, 17, 12, 5 y 10 respectivamente. La tabla 3.11 muestra los códigos de las accesiones dentro de cada morfotipo, lugares de origen y accesiones con floración.

En la tabla H.4 se observa cuáles son las principales diferencias dentro de cada uno de los morfotipos. Todos los morfotipos tienen hojas cordadas y raíces de forma redonda elíptica y existen variaciones en el color predominante de la piel: rojo-morado (morfotipo 1, 6), rosados (morfotipo 4, 5 y 8), amarillo (morfotipo 2, 3 y 7), crema (morfotipo 9) con intensidades de color diferentes, el color predominante de la carne puede ser: amarillo, blanco, rojo. Únicamente las accesiones del morfotipo 3 y morfotipo 9 no presentan floración.

Tabla 3.11**Morfotipos formados dentro del grupo 4, definido por el método de Ward en 368 accesiones de camote (*Ipomoea batatas* L.)**

morfotipo 1		morfotipo 4		morfotipo 5		morfotipo 6		morfotipo 7		morfotipo 8		morfotipo 10	
19027	Chimborazo	19040	Loja	19023	Chimborazo	19026 ⁵	Chimborazo	19052	Loja	19033	Chimborazo	19215	Manabí
19053	Azuay	19044	Loja	19025	Chimborazo	19030 ⁵	Chimborazo	19225 ⁵	Pichincha	19037	Chimborazo	19242	Esmeraldas
19063 ⁶	Azuay	19048 ⁵	Loja	19057 ⁵	Azuay	19055	Azuay	19336 ²	Guayas	19038	Chimborazo	19250	Esmeraldas
19482	Napo	19067 ⁵	Azuay	19441 ⁵	Zamora C.	19068	Azuay	19407 ²	El Oro	19051	Loja	19251	Esmeraldas
morfotipo 2		19206 ²	Manabí	19446	Zamora C.	19260 ⁵	Esmeraldas	19408 ⁵	El Oro	19059	Azuay	19261 ⁵	Esmeraldas
19056	Azuay	19416 ⁵	Loja	19465	Pastaza	19457	Morona S.	19431 ⁵	Los Ríos	19226 ⁵	Pichincha	19288 ²	Esmeraldas
19058	Azuay	19420	Loja	19467	Pastaza	19463	Morona S.	19453	Zamora C.	19243	Esmeraldas	19293 ²	Esmeraldas
19060	Azuay	19426 ⁵	Loja	19468	Pastaza	19474 ⁵	Pastaza	19454 ⁵	Zamora C.	19374	Santa Elena	19497	Francisco O.
19064	Azuay	19428 ⁵	El Oro	19470 ⁵	Pastaza	19478	Pastaza	19461	Morona S.	19413	Loja	19508 ⁵	Napo
19172	Manabí	19429 ⁵	El Oro	19471	Pastaza	19480	Pastaza	19462	Morona S.	19423	Loja	19510 ⁵	Napo
morfotipo 3		19444	Zamora C.	19477	Pastaza			19464 ⁵	Pastaza	19424	Loja	morfotipo 9	
19031	Chimborazo	19451	Zamora C.	19479	Pastaza			19488	Sucumbíos	19458	Morona S.	19034 ⁵	Chimborazo
19036	Chimborazo	19495 ⁵	Francisco O.	19486	Sucumbíos			19500	Francisco O.			19045	Loja
19050	Loja							19501	Francisco O.			19046	Loja
19065	Azuay							19502	Napo			19418	Loja
19255	Esmeraldas							19504 ⁵	Napo			19447	Zamora C.

Subíndices: grupo al que pertenecen las accesiones en el análisis de conglomerados con floración.

3.2.6.5. Morfotipo grupo 5

Dentro del grupo 5 se observan 2 morfotipos. El primer morfotipo formado por 10 accesiones y el segundo morfotipo por 21 accesiones. La tabla 3.12 muestra los códigos de los morfotipos, lugares de origen y accesiones con floración.

Tabla 3.12

Morfotipos formados dentro del grupo 5, definido por el método de Ward en 368 accesiones de camote (*Ipomoea batatas* L.)

grupo 5					
morfotipo 1			morfotipo 2		
19333	Guayas	19388 ³	El Oro	19345 ³	Guayas
19384	Guayas	19391 ³	El Oro	19358 ³	Guayas
19439	Los Ríos	19394 ³	El Oro	19387 ³	Guayas
19519	Los Ríos	19395 ³	El Oro	19433 ³	Los Ríos
19520	Los Ríos	19309 ³	Guayas	19437 ³	Los Ríos
19187 ²	Manabí	19310 ³	Guayas	19438 ³	Los Ríos
19188	Manabí	19312 ³	Guayas	19516 ³	Los Ríos
19194	Manabí	19318 ³	Guayas	19197 ³	Manabí
19195 ³	Manabí	19319 ³	Guayas	19200 ³	Manabí
19196	Manabí	19323 ³	Guayas	19505 ³	Napo
		19362 ³	Santa Elena		

Subíndices: grupo al que pertenecen las accesiones en el análisis de conglomerados con floración

En la tabla H.5 se observa cuáles son las principales diferencias dentro de cada uno de los morfotipos. Existen cambios en la forma del perfil de la hoja triangular para el morfotipo 1 y cordada para el morfotipo 2, forma de la raíz reservante y el color predominante de la carne: amarillo y blanco. Además que todas las accesiones del morfotipo 2 presentan floración.

3.2.6.6. Morfotipo grupo 6

Dentro del grupo 6 se observan 5 morfotipos. Los morfotipos están conformados por el siguiente número de accesiones: 14, 12, 27, 3 y 10 respectivamente.

Tabla 3.13**Morfotipos formados dentro del grupo 6, definido por el método de Ward en 368 accesiones de camote (*Ipomoea batatas* L.)**

morfotipo 1		morfotipo 2		morfotipo 3		morfotipo 3		morfotipo 4	
19042 ¹	Loja	19214	Sto. Domingo	19209	Manabí	19287	Esmeraldas	19499 ⁵	Francisco O.
19054 ¹	Azuay	19229 ⁴	Sto. Domingo	19213 ⁴	Manabí	19290	Esmeraldas	19506 ⁵	Napo
19236	Esmeraldas	19233 ⁴	Esmeraldas	19218 ⁴	Sto. Domingo	19291	Esmeraldas	19514 ⁵	Napo
19241 ⁴	Esmeraldas	19240	Esmeraldas	19234 ⁴	Esmeraldas	19297	Esmeraldas	morfotipo 5	
19246	Esmeraldas	19256 ⁴	Esmeraldas	19235 ⁴	Esmeraldas	19298	Esmeraldas	19043	Loja
19248	Esmeraldas	19258 ⁴	Esmeraldas	19263 ⁴	Esmeraldas	19300	Esmeraldas	19430 ⁴	Los Ríos
19249 ⁴	Esmeraldas	19259 ⁴	Esmeraldas	19268 ⁴	Esmeraldas	19301 ⁴	Esmeraldas	19432	Los Ríos
19252 ⁴	Esmeraldas	19262 ²	Esmeraldas	19275 ⁴	Esmeraldas	19303 ⁴	Manabí	19435 ⁴	Los Ríos
19253 ⁴	Esmeraldas	19270 ⁴	Esmeraldas	19276 ⁴	Esmeraldas	19304 ⁴	Manabí	19436	Los Ríos
19346	Guayas	19272 ⁴	Esmeraldas	19278 ⁴	Esmeraldas	19305	Manabí	19489	Sucumbíos
19377	Santa Elena	19274 ⁴	Esmeraldas	19280 ⁴	Esmeraldas	19306 ⁴	Manabí	19496	Francisco O.
19380 ¹	Santa Elena	19299	Esmeraldas	19281	Esmeraldas	19307 ⁴	Manabí	19515	Los Ríos
19490 ⁴	Sucumbíos			19284	Esmeraldas	19308 ⁴	Manabí	19521	Los Ríos
19494 ⁴	Sucumbíos			19285	Esmeraldas			19522	Los Ríos

Subíndices: grupo al que pertenecen las accesiones en el análisis de conglomerados con floración.

La tabla 3.13 muestra los códigos de las accesiones dentro de cada morfotipo, lugares de origen y floración.

En la tabla H.6 se observa cuáles son las principales diferencias dentro de cada uno de los morfotipos. Existen cambios en la forma del perfil de la hoja: hastada, lobulada, cordada, en los defectos de la superficie de la raíz reservante: venas y parecido a la piel de cocodrilo, en el color predominante de la piel: morado-oscuro (morfotipo 1, 4 y 5), rojo-morado (morfotipo 2), rosado (morfotipo 4) y la distribución del color secundario de la carne.

3.2.6.7. Morfotipo grupo 7

En el grupo 7 se observan 2 morfotipos. El primer morfotipo formado por 9 accesiones y el segundo morfotipo por 7 accesiones. La tabla 3.14 muestra los códigos de los morfotipos, lugares de origen y accesiones con floración.

Tabla 3.14

Morfotipos formados dentro del grupo 7, definido por el método de Ward en 368 accesiones de camote (*Ipomoea batatas* L.)

Grupo 7			
morfotipo 1		morfotipo 2	
19460 ⁵	Morona S.	19402	El Oro
19509 ⁵	Napo	19219	Sto. Domingo
19472	Pastaza	19220	Sto. Domingo
19473 ⁵	Pastaza	19224	Sto. Domingo
19227 ⁵	Pichincha	19232	Sto. Domingo
19223	Sto. Domingo	19493	Sucumbíos
19222 ⁵	Sto. Domingo	19452	Zamora C.
19230 ⁵	Sto. Domingo		
19231 ⁵	Sto. Domingo		

Subíndices: grupo al que pertenecen las accesiones en el análisis de conglomerados con floración.

En la tabla H.7 se observa cuáles son las principales diferencias dentro de cada uno de los morfotipos. Existen cambios en el tipo de enroscamiento, lóbulo central de

la hoja: dentado y triangular, defectos de la superficie: hendiduras longitudinales superficiales y superficie parecida a la piel de cocodrilo. Además solo las accesiones del morfotipo 1 presentan floración.

3.2.7. Análisis de componentes principales

El análisis de componentes principales realizado con las variables cuantitativas, permitió constatar que los dos primeros componentes extrajeron el 42.69% de la variación total que corresponde al 23.74% y 18.95% para el primer y segundo componente respectivamente. Las variables que más contribuyeron para la discriminación en el primer componente fueron el número, tamaño y peso de la raíz reservante y en el segundo componente el tamaño de la hoja madura y la longitud del peciolo (tabla 3.15).

Tabla 3.15

Análisis de componentes principales de 368 accesiones de camote.

Variables	Componente	
	1	2
Longitud de entrenudo	-0.327	0.308
Numero de lóbulos	-0.344	-0.101
Tamaño de la hoja madura	-0.161	0.856
Longitud del peciolo	-0.054	0.836
Unión raíz reservante con el tallo	-0.376	0.084
Numero de raíces reservantes por planta	0.687	0.030
Tamaño de la raíz reservante	0.766	-0.176
Peso de la raíz	0.756	-0.016
Diámetro entrenudo	0.093	0.387
Grosor de la corteza	0.556	0.450

En la figura 3.21 se observa la distribución de las variables en los ejes del espacio formado por los dos componentes principales. Se visualiza la correlación entre las variables unidas desde su centroide.

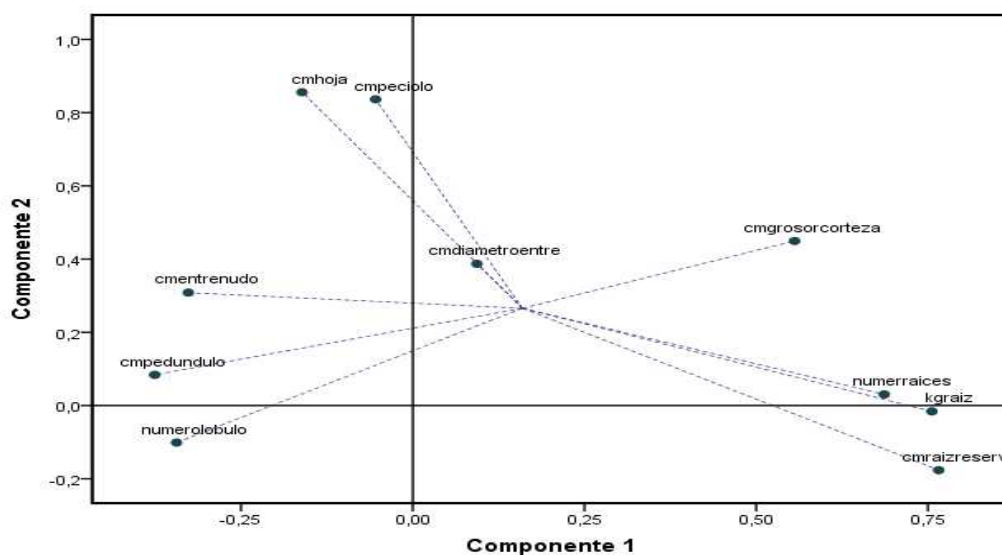


Figura 3.21: Gráfico de saturaciones factoriales obtenido del análisis de componentes principales de 368 accesiones de camote (*Ipomoea batata* L.).

3.2.8. Análisis discriminante canónico

El análisis discriminante canónico permitió corroborar el análisis de componentes principales y determinar características discriminantes. Usando las variables cuantitativas y cualitativas comparadas con la clasificación obtenidas en el análisis de conglomerados.

Los valores asociados con las funciones discriminantes canónicas se muestran en la tabla 3.16. El valor asociado a la primera función es 5.093 y explica 33.8% de la varianza, mientras que con el segundo valor se explica el 58.9% de la varianza, por lo tanto estos dos valores son suficientes para discriminar adecuadamente la varianza de los datos.

La tabla 3.17 presenta los coeficientes de las funciones discriminantes (estandarizados), con los que se construye las funciones discriminantes canónicas, se toman para el análisis las variables cuantitativas y cualitativas más discriminantes.

Tabla 3.16

Valores de la función canónica discriminante de las variables cuantitativas de 368 accesiones de camote.

Función	Auto valor	% de varianza	% acumulado	Correlación canónica
1	5.093a	33.8	33.8	.914
2	3.774a	25.1	58.9	.889
3	2.354a	15.6	74.5	.838
4	1.773a	11.8	86.3	.800
5	1.117a	7.4	93.7	.726
6	.952a	6.3	100.0	.698

a: Se han empleado las 6 primeras funciones discriminantes canónicas. Calculado en base al número de conglomerados menos 1

El valor de Lambda de Wilks para estas dos funciones fue de 0.01 y 0.05; ambos valores son cercanos a cero con lo se demuestra que las dos primeras funciones tienen un alto poder discriminatorio.

Las características de las hojas presentan mayor correlación con la función 1 y las variables de la raíz reservante tienen mayor correlación con la función 2.

En la figura 3.22 se puede observar cómo se distribuyen los grupos definidos en el análisis de conglomerados, cada eje está representado por las dos funciones discriminantes canónicas más discriminativas. Se visualiza que los centroides de los grupos se encuentran alejados a excepción del grupo 4 y 3 que están casi alineados, por lo que la función 1 no realiza una buena discriminación para estos grupos.

Tabla 3.17

Coefficientes de la función canónica discriminante de 368 accesiones de camote.

	Función					
	1	2	3	4	5	6
Forma del perfil general de la hoja	.464	.040	.154	.100	-.324	-.066
Tipo de lóbulo de la hoja	.459	.146	.235	.094	-.048	-.125
Forma del lóbulo central	.270	.004	.105	-.156	.242	.157
Defectos de la superficie raíz reservante	-.159	.093	.370	-.105	.163	.249
Intensidad color predominante de la piel	-.108	-.276	-.168	-.051	.062	-.437
Color secundario de la piel	-.257	.137	-.057	.059	-.366	-.080
Color predominante de la carne de la raíz	.010	.560	-.077	.465	-.368	-.226
Color secundario de la carne de la raíz	.586	.030	-.416	.065	.171	.061
Tamaño de la raíz reservante	.055	.183	.058	-.020	.297	.379
Tamaño de la hoja madura	.043	-.203	-.272	.297	-.116	.042
Numero de lóbulos	.117	-.013	.209	-.228	.204	.083
Cm grosor de la corteza	-.169	-.028	-.291	.041	.168	.115
Color predominante de la piel raíz	-.080	-.126	-.176	.271	-.526	.141

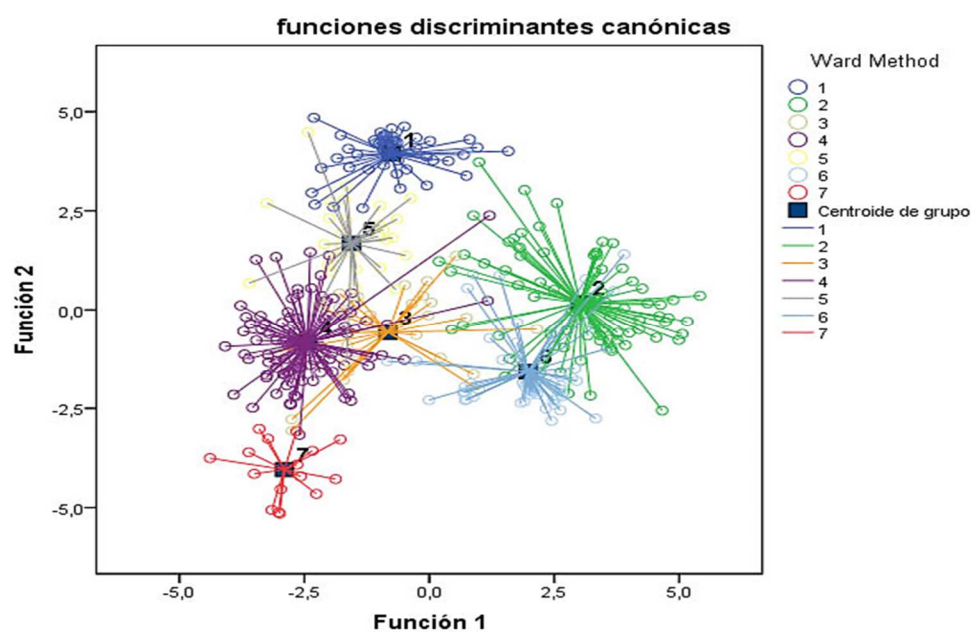


Figura 3.22: Gráfica de las funciones discriminantes canónicas unidas a los centroides de los grupos de 368 accesiones de camote (*Ipomoea batata* L.). Realizado en IBM SPSS Statistics 21.

3.3. Caracterización molecular

3.3.1. Extracción y cuantificación de ADN genómico

La cantidad de ADN obtenido usando el protocolo de Dellaporta *et al.* (1983) con modificaciones por Elías *et al.* (2004) fue buena, migrando como una banda única en la parte inferior del gel, sin embargo la pureza fue baja se observó barridos en el gel lo que muestra la degradación del ADN, pero esto no afectó la cantidad de ADN obtenida.

Se estimó la cantidad promedio de ADN usando espectrofotometría obteniéndose un valor medio de 700 ng/μl.



Figura 3.23: Amplificación de ADN genómico en geles de agarosa al 2% utilizando muestra seca (carril inicial: marcador de peso molecular 100 pb DNA Ladder).

3.3.2. Amplificación y genotipaje de microsatélites

Se efectuó un *screening* con 11 *primers* microsatélites, de los cuales 8 fueron escogidos por mostrar un alto rendimiento en los productos amplificados. El criterio tomado en cuenta para la elección fue la obtención de un patrón de bandeo claro.

Los *primers* que se descartaron del estudio fueron el dúplex IBSSR27 – IBSSR04, en la figura 3.24 se observa que no existe un patrón de bandeo claro, los tamaños de los dos *primers* son muy cercanos por lo que podría causar confusión al momento de

asignar la talla a los alelos y hay una alta presencia de espejos de otros alelos. Mientras que el primer IBSSR 19 mostró la presencia de gran cantidad de alelos nulos, por lo que se descartó del estudio.

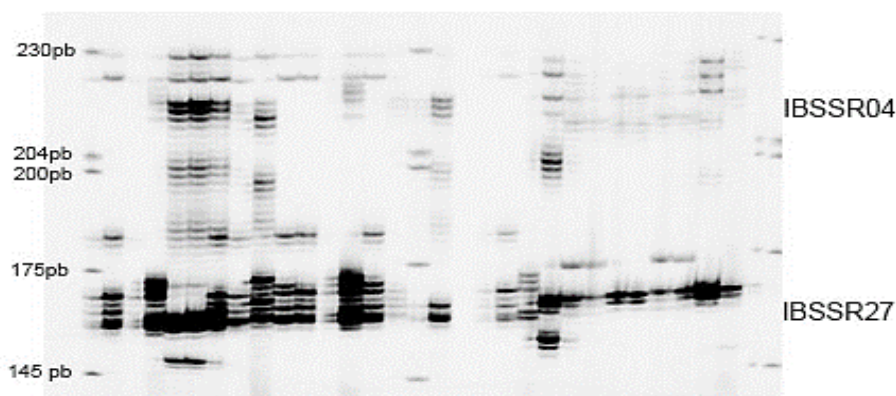


Figura 3.24: Imagen del gel, obtenida en el LI-COR 4300s que muestra el dúplex IBSSR10 – IBSSR27 (carril inicial: marcador IRDye 800nm de 50 a 350 pb).

Se efectuó la corrida de 368 accesiones de camote, en el genotipador LI-COR. En la figura 3.25 y 3.26 se pueden apreciar la amplificación de los 8 microsatélites escogidos.

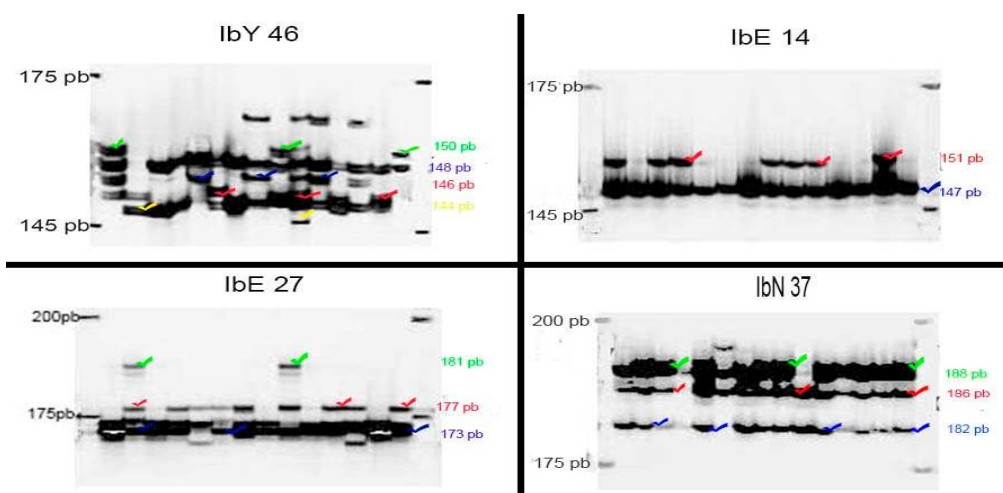


Figura 3.25: Imágenes geles, obtenida en el LI-COR 4300s que muestra los primers IbY46, IbE27, IbE14 y IbN37 (carril inicial: marcador IRDye 50-350 pb, marcaje de 700nm).

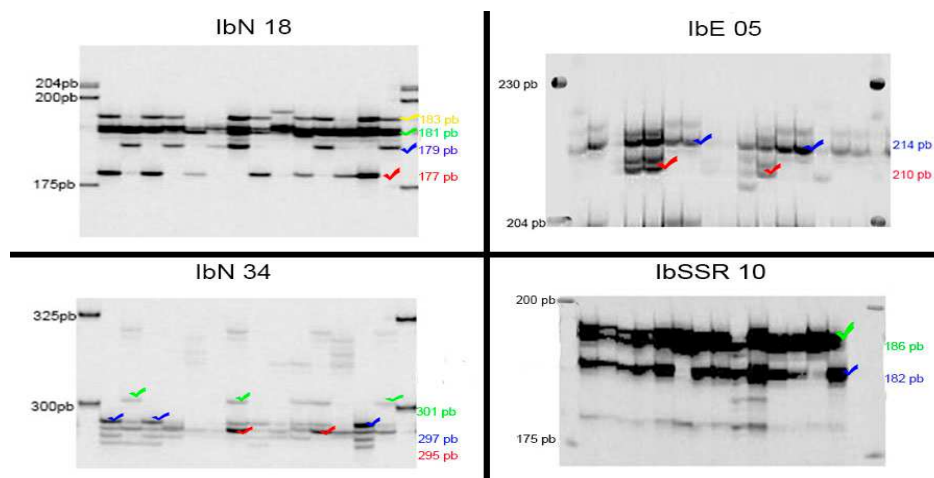


Figura 3.26: Imágenes geles, obtenida en el LI-COR 4300s que muestra los primers IbN18, IbE05, IbN34 y IBSSR10 (carril inicial: marcador IRDye 50-350 pb, marcaje de 800 nm).

La calidad de amplificación de los 8 microsatélites escogidos se mejoró utilizando el programa SAGA-GT, este programa encuentra automáticamente el tamaño de los alelos, comparada con la información previa ingresada para cada locus (Saga GT, 2014). Por cada locus polimórfico fueron detectados de 2 a 4 alelos, a excepción de la accesión ECU 19224 que en el locus IbE05 se observaron seis alelos.

En la tabla 3.18 se puede observar el tamaño reportado para cada microsatélite y el tamaño encontrado, la mayor variación se observa en el locus IBSSR 10 el tamaño reportado va desde los 177 pb y los tamaños encontrados estuvieron desde los 160 pb.

3.3.3. Análisis de datos

3.3.3.1. Diversidad genética

En el análisis de diversidad genética de 368 accesiones de camote con 8 loci microsatélites, se registró un total de 89 alelos con un promedio de 11,12 alelos/locus; los tamaños para estos alelos fluctúan entre 126 pb a 307 pb.

Los locus microsatélites que presentaron el mayor número de alelos fueron IbE14 e IbN34 con 19 y 18 alelos respectivamente, a diferencia del locus IbE05 (12 alelos) que reportó en menor número de alelos (tabla 3.18).

El alelo con mayor frecuencia fue IbY46 – 132 pb con un valor de frecuencia de 0.337, mientras que los alelos con menor frecuencia fueron IbE27 – 197pb con frecuencia de 0.005 y IbN34 – 285pb con frecuencia de 0.004.

La tabla 3.19 muestra varios índices de diversidad genética, determinados en 368 accesiones de camote.

Tabla 3.18

Alelos registrados con sus respectivas frecuencias en 368 accesiones (*Ipomoea batata* L.) de camote con 8 loci SSRs.

Locus	Tamaño reportado (pb)*	Número Alelos	Tamaño encontrado (pb)	Frecuencia
IbN18	157-178	13	159	0.119
			161	0.047
			163	0.035
			165	0.078
			167	0.114
			169	0.054
			171	0.120
			173	0.163
			175	0.081
			177	0.072
			179	0.058
			181	0.030
			183	0.016
IbN34	276-308	18	269	0.025
			271	0.053
			273	0.168
			275	0.245
			277	0.087
			281	0.041
			283	0.081
			285	0.004
			291	0.010

Continúa

Tabla 3.18: (Continuación)

Locus	Tamaño reportado (pb)*	Número Alelos	Tamaño encontrado (pb)	Frecuencia
IbN34	276-308	18	293	0.054
			295	0.023
			297	0.026
			299	0.009
			300	0.011
			301	0.042
			303	0.027
			305	0.016
			307	0.028
			IbE05	210-220
194	0.056			
196	0.089			
198	0.147			
200	0.102			
202	0.144			
204	0.200			
206	0.097			
208	0.050			
210	0.022			
212	0.054			
214	0.018			
IBSSR10	177	14	160	0.018
			162	0.070
			164	0.110
			166	0.020
			168	0.033
			170	0.011
			172	0.029
			174	0.215
			176	0.081
			178	0.041
			180	0.095

Continúa

Tabla 3.18: (Continuación)

Locus	Tamaño reportado (pb)*	Número Alelos	Tamaño encontrado (pb)	Frecuencia			
IBSSR10	177	14	182	0.116			
			184	0.094			
			186	0.045			
			143	0.012			
			145	0.014			
			147	0.014			
			149	0.050			
			151	0.149			
			152	0.030			
			153	0.211			
			154	0.013			
			IbE14	85-200	19	155	0.077
						157	0.173
						159	0.054
161	0.019						
163	0.015						
165	0.012						
167	0.031						
169	0.037						
171	0.037						
173	0.014						
175	0.014						
IbE27	100-190	13				173	0.016
						177	0.013
						181	0.016
			183	0.022			
			185	0.037			
			186	0.015			
			187	0.030			
			189	0.215			
			191	0.050			
			193	0.056			

Continúa

Tabla 3.18: (Continuación)

Locus	Tamaño reportado (pb)*	Número Alelos	Tamaño encontrado (pb)	Frecuencia
			195	0.050
			197	0.005
			199	0.014
IbY46	126-144	13	126	0.037
			128	0.074
			130	0.076
			132	0.337
			134	0.023
			138	0.081
			140	0.067
			142	0.122
			144	0.011
			146	0.010
			148	0.024
			150	0.006
IbN37	161-184	15	160	0.009
			162	0.013
			164	0.097
			166	0.073
			168	0.042
			170	0.030
			172	0.053
			174	0.149
			176	0.036
			178	0.276
			180	0.044
			182	0.030
			184	0.070
			186	0.024
			188	0.037

*Tamaños reportados por Hu. (2004) y Huamani. (2009)

Tabla 3.19

Análisis de diversidad genética en 368 accesiones de camote (*Ipomoea batatas* L.), He: Heterocigosis esperada; PIC: Contenido de Información de Polimorfismo.

locus	tamaño muestra	No observaciones	No de alelos	He	PIC
IbN18	368	368	13	0.859	0.845
IbN34	368	359	18	0.885	0.873
IbE05	368	358	12	0.880	0.869
IBSSR10	368	368	14	0.892	0.883
IbE14	368	356	19	0.886	0.875
IbE27	368	368	13	0.729	0.703
IbY46	368	359	13	0.839	0.823
IbN37	368	361	15	0.869	0.859
Promedio	368	362	15	0.854	0.813

Parámetros obtenidos online por Calculator polymorphic information (2012).

El promedio encontrado de heterocigosidad esperada (He) fue de 0.854, donde el valor más alto para este parámetro es de 0.892 perteneciente al locus IBSSR 10, este mismo locus fue el más polimórfico (PIC=0.813), mientras que el locus IbE27 presento el valor más bajo de PIC=0.7032, por lo que se puede considerar como un marcador menos informativo.

3.3.3.2. Análisis de agrupamiento

El análisis realizado en el programa Structure determinó que las accesiones de camote se agrupan en 4 grupos (k=4). La figura 3.27 muestra el número de poblaciones (ΔK) vs la estimación de la distancia entre poblaciones, el número de poblaciones se escoge observando el punto donde la curva retoma la continuidad (Vinod, 2011).

La figura 3.28 muestra los resultados obtenidos en el programa Structure una vez que se ha determinado el número de poblaciones, en la figura se observan las accesiones de camote y los coeficientes de pertenencia de estas accesiones a cada uno de los 4 grupos establecidos.

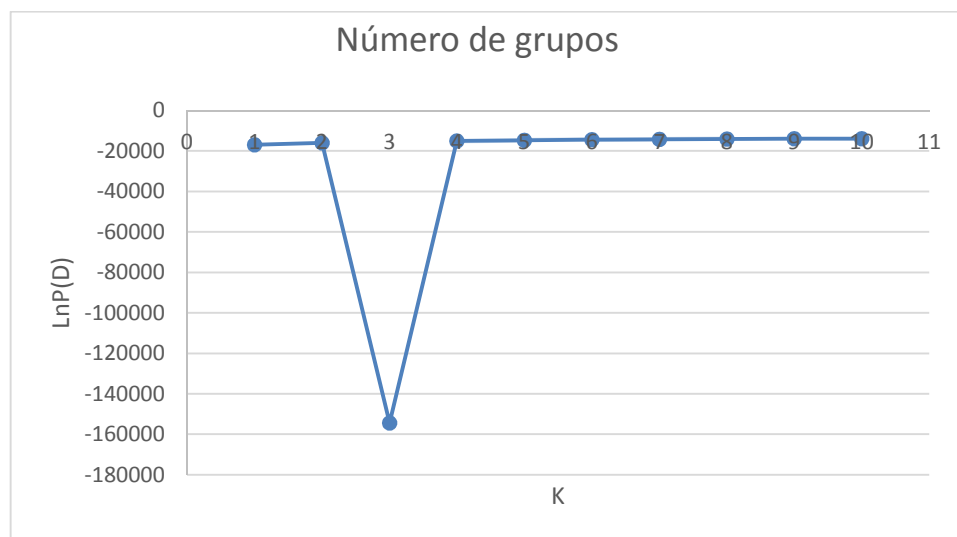


Figura 3.27: Distribución de los valores ΔK basados en el análisis de estructura poblacional de 368 accesiones de camote, con 8 marcadores SSRs en el programa Structure versión 2.3.4.

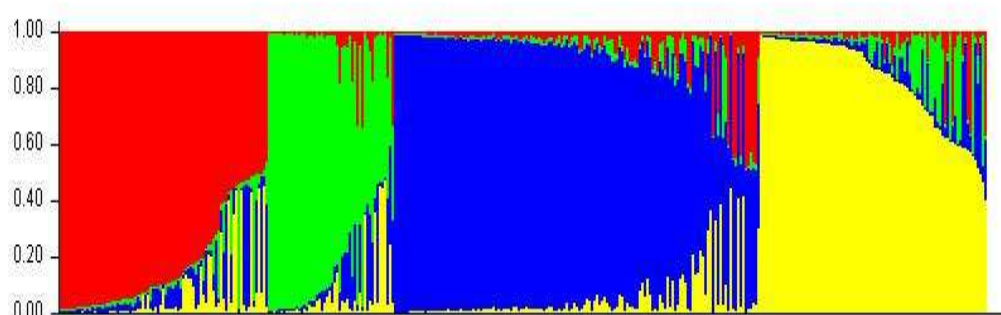


Figura 3.28: Gráfico de barras muestra los coeficientes de pertenencia de las accesiones de camote ordenadas a un grupo determinado. En el eje “x” se muestran las 368 accesiones de camote y en eje “y” los coeficientes de pertenencia (los colores rojo, verde, azul y amarillo muestran cada una de las poblaciones y subpoblaciones).

En el análisis de agrupamiento genético realizado en el programa TREECON usando la distancia de Nei and Li (1979) y el método UPGMA, se determinó un dendograma en el cual se representó gráficamente las relaciones genéticas de 368 accesiones de camote (figura 3.29).



Figura 3.29: Dendrograma que usa la distancia genética de Nei's y el método UPGMA, realizado del análisis molecular con microsatélites en 368 accesiones de camote. Realizado en TREECON versión 1.3 (Van de Peer *et al.*, 1994).

Mediante este método, se confirmó la formación de los 4 subgrupos determinados anteriormente en el programa Structure. Estos grupos están conformados por el siguiente número de accesiones 184, 74, 59 y 51 respectivamente, en el anexo I (tabla I.1) se detalla el código de las accesiones y su lugar de origen.

No se registraron grupos con accesiones que pertenezcan a una sola provincia, en el grupo 1 se encuentran accesiones de las provincias de Chimborazo, Loja, Azuay, Manabí, el Oro, Esmeraldas, Francisco de Orellana, Guayas, Los Ríos, Santa Elena y Santo Domingo. En el grupo 2 las accesiones pertenecen a provincias de la costa ecuatoriana Guayas, Manabí y Santa Elena. En el grupo 3 las accesiones son de las provincias de Azuay, Chimborazo, Francisco de Orellana, Loja, Los Ríos, Morona Santiago, Pastaza, Santo Domingo y Zamora. Mientras que en el grupo 4 se encuentran accesiones de Esmeraldas, Francisco de Orellana, Loja, Napo, Pastaza, Pichincha, Santo Domingo y Zamora Chinchipe.

3.3.3.3. Análisis de coordenadas principales

El análisis de coordenadas principales (PCO) se determinó los ejes de mayor varianza, en la tabla 3.20 se muestra los valores “Eigen” que indican el porcentaje individual y el porcentaje acumulado de la variabilidad de cada una de las coordenadas obtenidas. El análisis determinó tres coordenadas principales con las cuales se extrae el 62.49% de la variabilidad total.

Tabla 3.20

Análisis de coordenadas principales de 368 accesiones de camote con 8 *primers* microsatélites.

Coordenada	Valor Eigen	Porcentaje Individual	Porcentaje acumulado
1	29.736	22.79	22.79
2	26.687	20.45	43.24
3	25.117	19.25	62.49

Los figura 3.30, 3.31, 3.32 y 3.33 muestran la distribución de los grupos para las dos primeras coordenadas principales, la primera coordenada muestra un 22.79% de la variación total mientras que la segunda coordenada muestra 20.45% de la variación total.

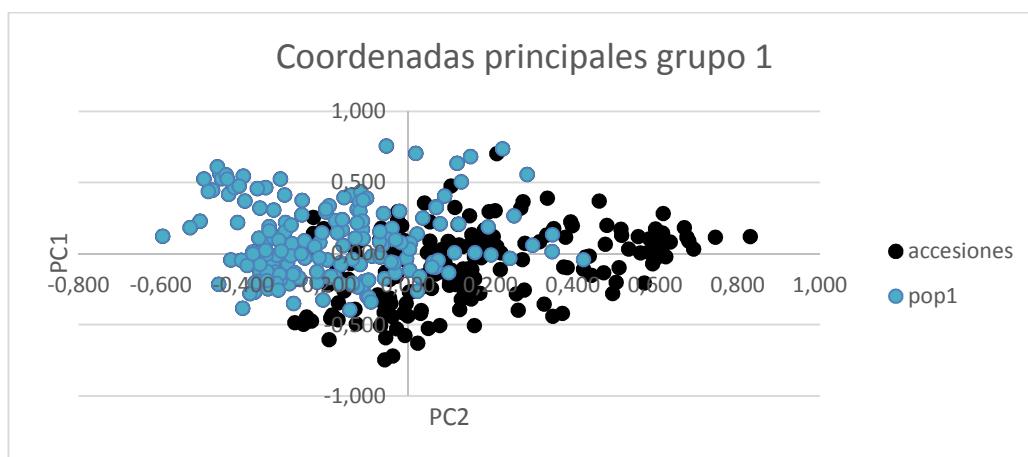


Figura 3.30: Distribución de las accesiones del grupo 1 en función de las coordenadas del componente 1 vs componente 2. Círculos negros: toda la población, círculos azules: grupo 1.

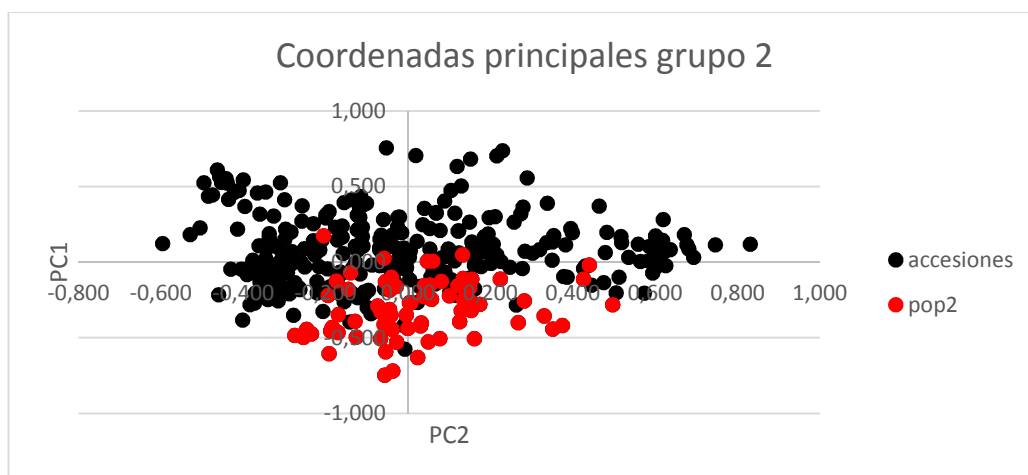


Figura 3.31: Distribución de las accesiones del grupo 2 en función de las coordenadas del componente 1 vs componente 2. Círculos negros: toda la población, círculos rojos: grupo 2.

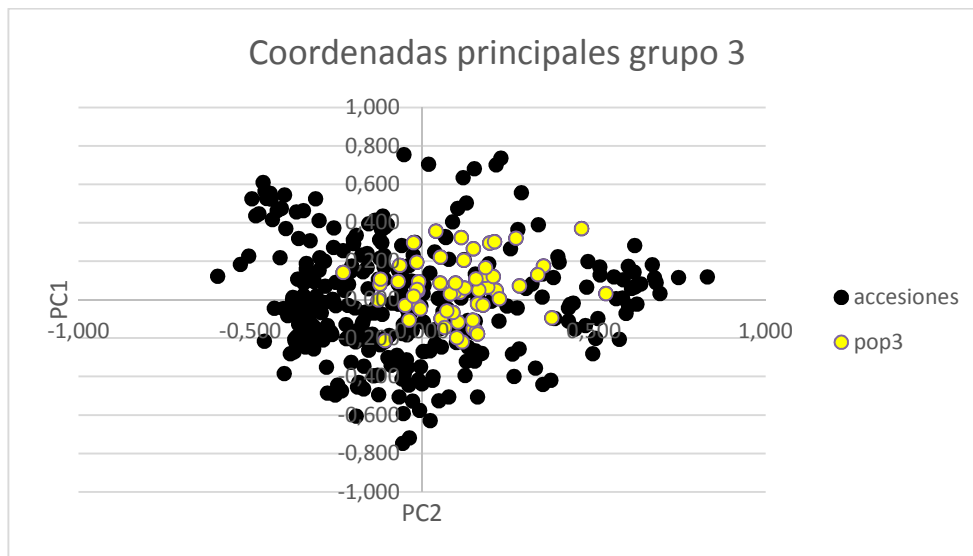


Figura 3.32: Distribución de las accesiones del grupo 3 en función de las coordenadas del componente 1 vs componente 2. Círculos negros: toda la población, círculos amarillos: grupo 3.

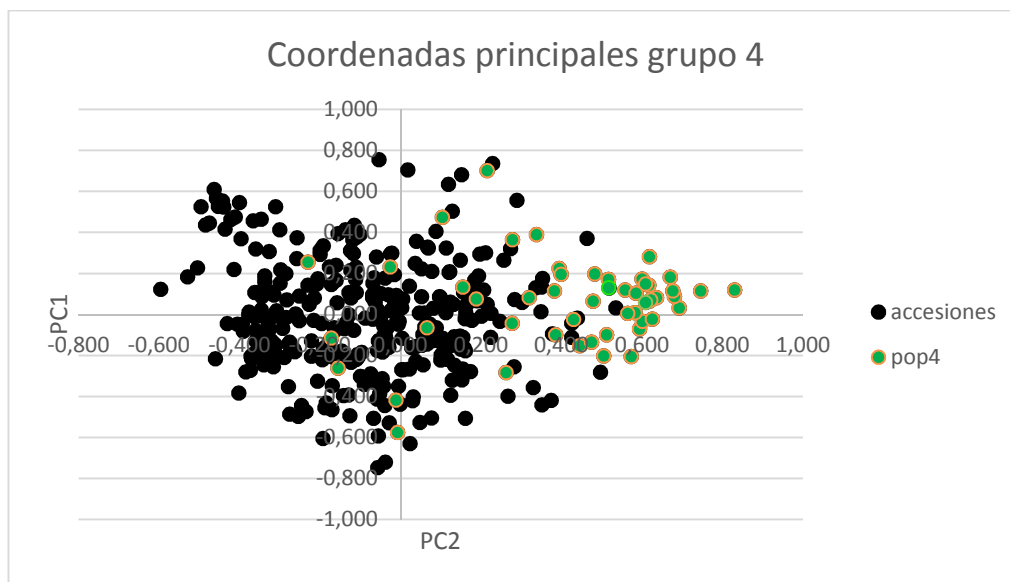


Figura 3.33: Distribución de las accesiones del grupo 1 en función de las coordenadas del componente 1 vs componente 2. Círculos negros: toda la población, círculos verdes: grupo 4.

3.3.3.4. Análisis molecular de varianza

En el análisis molecular de varianza (AMOVA) se obtuvo un alto índice de diferenciación genética (Φ_{PT}) de 0.108 ($p=0.001$) entre los 4 grupos. Se determinó que el 11% de la diversidad aporta a la diferenciación entre los grupos, mientras que el 89% de la varianza está presente en cada uno de los grupos, es decir la varianza genética está distribuida heterogéneamente, de tal manera que la mayor parte de la diversidad se encuentra dentro de cada grupo cultivado (tabla 3.21).

Tabla 3.21

Análisis molecular de varianza de 368 accesiones de camote analizadas con 8 primers microsátélites.

Origen de la variación	g.l	suma de cuadrados	componentes de la varianza	%variación genética	Φ_{PT}
Entre Poblaciones	3	301.343	1.119	11%**	
Dentro de cada población	364	3368.657	9.255	89%**	0.108*
Total	367	3670.000	10.373	100%	

*Estadísticamente significativo $p=0.001$; ** $p<=0,01$

3.3.3.5. Distancia genética de Nei

La tabla 3.22 muestra las distancias genéticas ($p=0.001$) entre los grupos formados por el análisis de agrupamiento, se observa que el valor más bajo se encuentra entre la relación del grupo 1 y grupo 3 ($D=0.022$) mientras que el valor más alto corresponde a la comparación del grupo 3 y grupo 4 ($D=0.052$). Por los valores obtenidos en todos los grupos (menores a 1) se aprecia que los grupos están muy relacionados entre ellos.

Tabla 3.22

Distancia de Nei (1978) calculadas en 368 accesiones de camote analizadas con 8 primers microsátélites.

grupo 1	grupo 2	grupo 3	grupo 4	
0.000				grupo 1
0.027	0.000			grupo 2
0.022	0.035	0.000		grupo 3
0.046	0.062	0.052	0.000	grupo 4

3.3.3.6. Análisis de duplicados

Al efectuar el análisis de duplicados se obtuvieron 64 accesiones que tienen similitudes genéticas al 100% la tabla 3.23 muestra los grupos a las que pertenecen las accesiones, el código de las accesiones y lugares de origen que presentaron similitud, se registraron 12 provincias de estas Esmeraldas presenta el 29.68% de accesiones duplicadas.

Tabla 3.23

Accesiones de camote que presentan 100% de similitud genética, analizadas con 8 primers microsátélites.

100% de similitud genética						
Grupo	ECU	Lugar	Grupo	ECU	Lugar	
2	19176	Manabí	1	19310	Guayas	
	19177			19312		
2	19201	Manabí	2	19338	Guayas	
	19202			19337		
1	19213	Manabí		19334		
	19214		Santo Domingo	2	19355	Guayas
	19234				19356	

Continúa

Tabla 3.23: (Continuación)

100% de similitud genética					
Grupo	ECU	Lugar	Grupo	ECU	Lugar
4	19227	Pichincha	2	19369	Santa Elena
	19226			19370	
1	19240	Esmeraldas	1	19390	El Oro
	19241			19411	
1	19248	Esmeraldas	1	19404	El Oro
	19249			19403	
1	19270	Esmeraldas	1	19433	Los Ríos
	19268			19434	
1	19256	Esmeraldas	1	19437	Los Ríos
	19274			19438	
	19275		1	19518	Los Ríos
1	19291	Esmeraldas		19519	
	19308	Manabí	3	19424	Loja
1	19306	Manabí		19423	
	19302	Esmeraldas	1	19412	Loja
1	19299	Esmeraldas		19522	Los Ríos
	19298			19042	Loja
	19297		1	19045	Loja
1	19296	Esmeraldas		19046	
	19295		3	19023	Chimborazo
1	19294	Esmeraldas		19069	Azuay
	19292		3	19037	Chimborazo
2	19351	Guayas		19038	
	19350		4	19485	Sucumbíos
	19349			19483	
Número de accesiones = 64					

También se reportaron materiales con 94% de similitud genética es decir poseen diferencias en un solo locus, la tabla 3.24 muestra estas accesiones que poseen un alto grado de parentesco entre materiales.

Tabla 3.24

Accesiones de camote que presentan 94% de similitud genética, analizadas con 8 primers microsatélites.

94% similitud genética		
Grupo	ECU	Lugar
2	19196	Manabí
	19195	
1	19235	Esmeraldas
	19236	
1	19251	Esmeraldas
	19252	
1	19304	Manabí
	19300	Esmeraldas
2	19326	Guayas
	19328	
	19329	
Número de accesiones = 11		

3.3.3.7. Análisis de coordenadas principales sin duplicados

Se realiza el análisis de coordenadas principales, sin considerar las accesiones duplicadas con un porcentaje de 100% de similitud. Los porcentajes de variación y los valores “eigen” son similares a los obtenidos en el análisis de coordenadas principales con las accesiones duplicadas

Tabla 3.25

Análisis de coordenadas principales sin las accesiones de camote que presentan similitud genética al 100%.

Coordenada	Valor Eigen	Porcentaje Individual	Porcentaje acumulado
1	29.58	22.58	22.58
2	26.47	20.46	43.04
3	24.62	18,96	62.00

En la figura 3.34 y 3.35 se observa que existe menor solapamiento entre los grupos y la diferenciación de los grupos en el espacio.

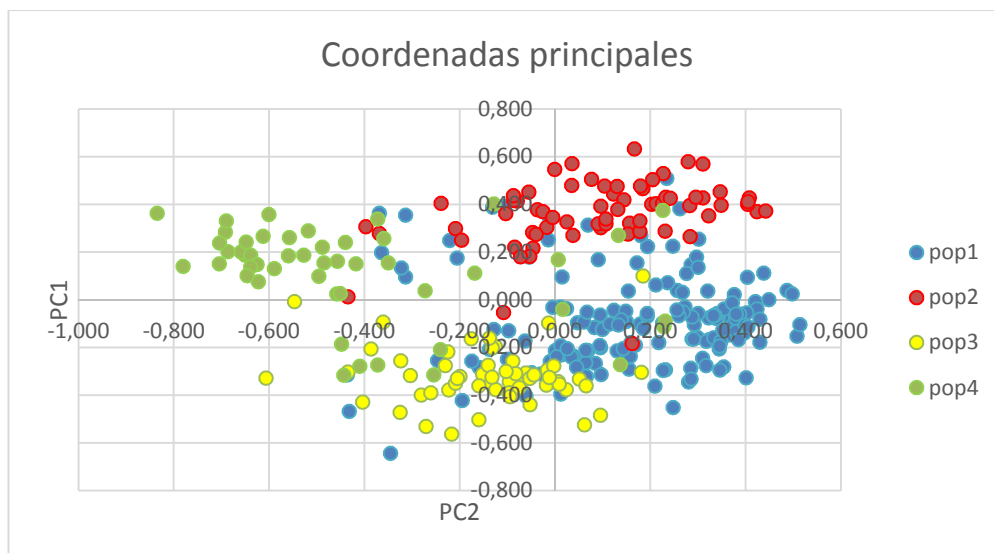


Figura 3.34: Distribución de las accesiones en función de la coordenada 1 y 2, excluyendo las accesiones con 100% de similitud genética.

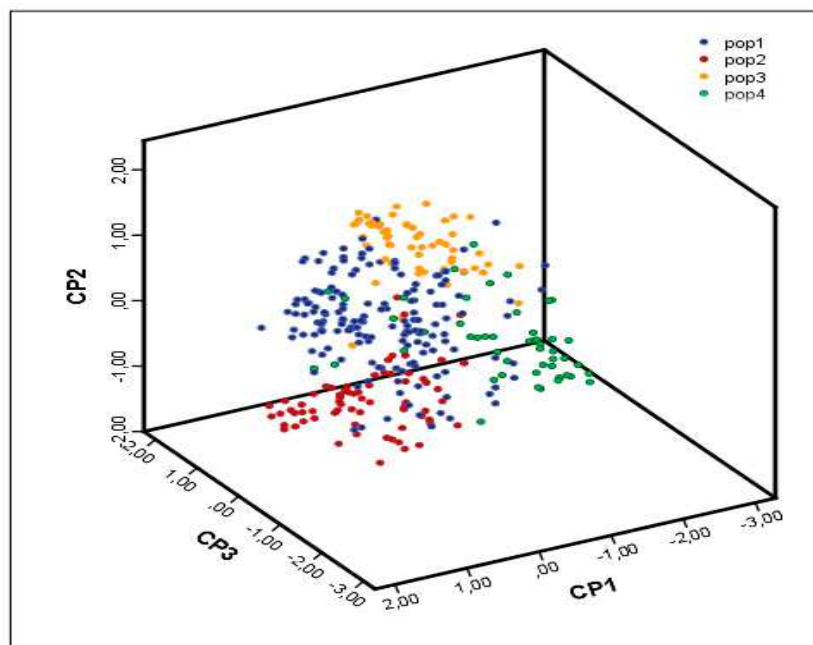


Figura 3.35: Distribución de las accesiones en función de las 3 coordenadas principales, excluyendo las accesiones con 100% de similitud genética.

CAPÍTULO IV

DISCUSIÓN

4.1. Recolección del Germoplasma

Durante el proceso de recolección se observó que el cultivo es plantado principalmente para el uso familiar (autoconsumo). En las provincias donde existió mayor número de accesiones recolectadas se ha evidenciado que la alimentación está ligada a este cultivo por ejemplo el camote es el ingrediente principal del “biche” y el “hornado de pescado” en Manabí (Zambrano, 2014) y en Esmeraldas se lo utiliza para la elaboración de “bollos” (Sánchez, 2014). Sin embargo, no se observaron sectores donde exista tecnología, ni altas inversiones para el cultivo, hecho que refleja que el volumen de siembra en el país haya decrecido en los últimos años (MAGAP, 2009).

Se evidenció que cultivo de camote, se encuentra disperso en el todo el país, debido principalmente a su amplia adaptación agronómica (Figueroa, 2010; Montes *et al.*, 2010). Las accesiones recolectadas se encontraron adaptadas desde los 1 msnm hasta los 2947 msnm en diferentes tipos de suelos, Pinto (2012) menciona que el cultivo del camote esta favorecido en el Ecuador porque el país presenta características geográficas y climáticas adecuadas para su desarrollo.

El mayor número de accesiones recolectadas pertenecen a la costa ecuatoriana (64.54%) esto se debe principalmente a que presenta las mejores condiciones climáticas para su desarrollo (Pinto, 2012; Chamba 2008). Se ha reportado que el mejor desenvolvimiento del cultivo se ha logrado en zonas con climas tropicales y subtropicales, con temperaturas entre los 18°C y 27°C (Pinto, 2012, FDA, 1995).

4.2. Caracterización morfológica

Dentro de los materiales recolectados predomina las raíces reservantes con forma elíptica (35.3 %), seguido por raíces con forma largo elíptica (29.6 %); Ristchel *et al.* (2002) reportó resultados similares al estudiar 324 accesiones conservadas en la

colección de Embrapa-Brasilia. Sin embargo en Ecuador se observaron un mayor número de formas que en la colección de Embrapa, encontrado raíces de formas ovadas y oblongas.

En lo que respecta al color predominante de la raíz reservante se encontró con mayor frecuencia el color rosado (49.2%) y el 68.2% de las accesiones no presentan color secundario en la piel; estos resultados coinciden, con lo reportado por Daros *et al.* (2002) y Gomes (2009) al caracterizar accesiones de camote en Brasil; sin embargo en lo que respecta a colores secundarios de la piel los autores reportan solamente 5 clases de colores, mientras que en Ecuador se encontraron 8 tipos de colores secundarios. En cambio, el color predominante de la carne de la raíz reservante tuvo una gran diversidad: el 32.1% fueron de color blanco, 28.3% amarillo, el 17.7% rojo morado, seguidos de los colores anaranjado, crema, marrón, rosado, rojo en menores proporciones, al igual que el color secundario de la carne. En general la mayor variación de los resultados obtenidos en este estudio, al comparar con otros trabajos de caracterización en camote se debe principalmente a que Ecuador ha sido catalogado como centro secundario de diversidad genética de *Ipomoea batata* (Zhang *et al.*, 2000). Se puede mencionar, que las características de color de la piel y forma de la raíz reservante son las que presentaron mayor variación, por lo que podrían considerarse como descriptores importantes en la agrupación de las accesiones.

El dendograma generado a partir de la distancia Euclídea y el algoritmo de Ward mostró gráficamente la variabilidad existente dentro de las accesiones, dando lugar a la formación de 7 grupos que comparten caracteres morfológicos similares. El dendograma no mostró formación de ningún grupo definido de acuerdo a cada provincia, lo que indica que las variedades se encuentran homogéneamente distribuidas dentro del país. Esto podría explicarse por el intercambio de materiales por parte de sucesivas generaciones de agricultores. Este tipo de fenómenos se han observado en investigaciones similares por ejemplo Veasey *et al* (2007) reportó sistemas de intercambio de diversidad morfológica de camote entre los agricultores de la Ribera de Vale en Brasil. En Ecuador desde la época aborígen (comprende el espacio entre la llegada del ser humano hasta la conquista española al territorio de la actual

República del Ecuador 12000 a.C. – 1533 d.C.) a través de estudios arqueológicos se ha evidenciado un intercambio permanente de productos agrícolas, especialmente entre zonas geográficas diversas, con climas y posibilidades productivas complementarias (Ayala, 2008). Por ejemplo, el antiguo pueblo de los Cañaris (ubicado desde la actual provincia de Azuay hasta las costas del Pacífico) se caracterizaron por hacer de la agricultura una de sus principales actividades comerciales y se evidenció que cultivaban e intercambiaban camales (que quiere decir camotes) (Scaglione *et al.*, 2007; Ayala, 2008).

A partir del análisis de conglomerados se determinó cuáles eran los descriptores cualitativos que presentaron el mayor poder discriminante utilizando la prueba de chi-cuadrado ($p < .001$); estos fueron el color secundario, color predominante, distribución del color secundario en la carne y defectos en la superficie de la raíz reservante; la forma del perfil, forma del lóbulo central y tipo de lóbulo en las hojas. Estas variables también fueron responsables de la variabilidad genética en los resultados obtenidos por Olivera *et al.* (2000) y Calvalcante *et al.* (2009). Por otro lado Veasey *et al.* (2007) describen como variables útiles para la descripción del germoplasma la coloración de la pulpa, la forma y los defectos de la raíz reservante, al igual que en la colección ecuatoriana.

Los descriptores que menos contribuyen a la diferenciación entre grupos fueron diámetro del entrenudo, cobertura del suelo, pubescencia de los tallos, color de la hoja madura, formación, variabilidad de la forma, producción de látex, agrietamiento y oxidación de la raíz reservante, lo que coincide con los resultados de Oliveira *et al.* (2000) quien realiza un análisis de la diversidad genética en camote usando procedimientos multivariados.

El dendograma, reveló que existe variabilidad morfológica entre los materiales evaluados. Dentro de los grupos se pudo diferenciar 34 morfotipos sin tomar en cuenta las características de floración. Sin embargo es importante tener en cuenta, que estas variables de floración se utilizan para la diferenciación morfológica de duplicados dentro de las colecciones de *Ipomoea batatas* (Huamán, 1992). En este trabajo el

51.35% de las accesiones caracterizadas no presentaron floración, la ausencia de floración dentro de los bancos de germoplasma de camote ha sido reportado en estudios similares (Mok *et al.*, 1999; Rajendram *et al.*; 1996; Veasey *et al.*, 2007), debido principalmente a problemas de adaptación en las zonas donde se conservan las accesiones. La organización de las Naciones Unidas para la Alimentación y la Agricultura (FAO, 2014) menciona entre las normas para la elección de la ubicación de los bancos de germoplasma en campo que “las condiciones agroecológicas de la zona donde se ubique el banco de germoplasma debe ser tan similar como sea posible al entorno donde los materiales vegetales hayan sido recogidos”. En nuestro caso los materiales vegetales fueron recogidos en diferentes zonas climáticas, por lo que para este estudio se eligió las condiciones agroecológicas donde se han reportado mejores crecimientos y niveles de producción en Ecuador (Chamba, 2008; Pinto, 2012) sin embargo no existen estudios realizados en camote con respecto al hábito de floración y requerimientos climáticos.

En el 48.68% de las accesiones que presentaron floración, los caracteres con mayor poder discriminante fueron: el color de los sépalos, color del estigma, el color de la flor y la posición del estigma; Veasey *et al.* (2007) mencionan la importancia de las variables de floración ya que pueden ser utilizadas en estudios de herencia de marcadores morfológicos, según Egusquiza (2000) esto se debe a que las características de floración son constantes a excepción de la característica del hábito de floración que se encuentra influenciada por el ambiente. Con respecto a la posición del estigma en relación con las anteras se observaron los cuatro tipos de sucesos: inserto (63.7%), igual (12.3%), ligeramente exerto (10.1%) y exerto (14.0%). Esta variación en la posición del estigma indica la ocurrencia de heterostilia en camote, lo que refuerza la teoría de autoincompatibilidad de este cultivo (Veasey *et al.*, 2007, Montaldo, 1977). Este mecanismo favorece la transferencia de polen entre las plantas, por lo que beneficia la polinización cruzada entre los cultivares de camote (Marín, 2013).

En este trabajo no se evaluó el rendimiento de semillas, sin embargo se observó que dentro de las 179 accesiones que presentaron floración el 23.46% desarrollaron

semilla. Martin (1946) y Veasey *et al.* (2007) mencionan la presencia de latencia mecánica en las semillas de camote recolectadas en los bancos de germoplasma. Afolabi *et al.* (2014) estimó los efectos de la polinización cruzada y realizó pruebas de compatibilidad en campo: usando 40 clones parentales de camote, descubrió que solo 18 clones presentaron la presencia de semilla y que estas semillas tenían un porcentaje de germinación en campo del 50.6% con estos resultados concluye que es posible conseguir cruces potenciales en campo. En esta investigación, al momento de efectuar la recolección de las accesiones ningún agricultor había observado la presencia de semillas, sin embargo al solicitar información sobre las características de los materiales se reveló que son muy pocos los agricultores que tienen la capacidad de prestar atención a diferencias particulares dentro de las variedades principalmente porque el cultivo en Ecuador se efectúa y mantiene ya que se trata de una variedad tradicional (INIAP, 1997)

En el análisis de componentes principales, el primer componente se asoció positivamente con rasgos tales como el número, tamaño y peso de la raíz reservante, el segundo componente se asoció a características de la hoja (tamaño de la hoja madura y longitud del peciolo). Estos resultados son similares a los reportados por Maquia *et al.* (2013) donde en el primer componente está asociado con las características de la raíz reservante como el peso. Igualmente Koussao *et al.* (2013) identificó que los dos primeros componentes principales describían el 41% de la variación y los mismos se asociaron con rasgos de las hojas y características de la raíz reservante.

4.3. Caracterización molecular

En la presente investigación se utilizaron marcadores microsatélites debido a que proveen el número más alto de polimorfismo (PIC) en comparación con otras técnicas como RFLPs y RAPDs de acuerdo a Poweell *et al.* (1996). Zhang *et al.* (2000) también menciona la contribución de los microsatélites para la comprensión de la diversidad alélica dentro de las colecciones de camote.

De los 11 microsatélites probados en este estudio, solo 8 generaron un patrón de bandas reproducibles, el número de alelos encontrados varió en gran medida del

microsatélite utilizado; por ejemplo en el locus IbE05 se encontraron solo 12 alelos mientras que en el locus IbE14 se encontraron 19 alelos. Se detectaron 89 alelos en 368 accesiones de camote con 8 microsatélites, con un valor de riqueza alélica de 11.12 alelos por locus. En estudios similares: Basantes (2012) se reportó 7.5 alelos por locus analizando solamente 59 accesiones de camote ecuatoriano. Zhang *et al.* (2000) analizó 19 accesiones de camote ecuatoriano y encontró 41 alelos con 6 microsatélites. En general se puede decir que la mayor variación encontrada en este estudio se debe posiblemente al número de materiales analizados y a que estos son originarios de diferentes regiones (18 provincias). Esto demuestra la importante diversidad genética de camote en Ecuador.

El valor promedio de polimorfismo encontrado fue de $PIC=0.813$, los valores de PIC en general fueron mayores a 0.50, lo que nos demuestra que los marcadores ocupados son informativos. De los locus ocupados IBSSR10 y IbN14 son los más polimórficos, esto se debe principalmente a que estos *primers* están constituidos por mayor cantidad de repeticiones de (GA). Hu *et al.* (2003) mostró realizando un *screening* en librerías genómicas de camote que los dinucleótidos (GA) son los más abundantes y altamente polimórficos para esta especie.

La alta diversidad genética del camote que se observó en este estudio puede estar relacionada con diferentes factores. Veasey *et al.* (2008) menciona que uno de las causas principales que conducen al alto grado de variación entre accesiones, puede estar relacionado con el sistema de reproducción del camote (polinización cruzada), hecho que se ratifica con los resultados observados en análisis de floración en la caracterización morfológica. Otro de los factores es el intercambio de variedades locales entre los agricultores, por ejemplo en el análisis de duplicados se observó que las accesiones ECU 19023 (Chimborazo) y ECU 19069 (Azuay) a pesar de ser de provincias distintas presentan el 100% de similitud genética.

El camote es una especie hexaploide, por lo tanto cada genotipo individual podría contener entre uno y seis alelos en cualquier locus. En este estudio, se encontró únicamente en la accesión ECU 19224 seis alelos en el locus IbE05, mientras que el

resto de accesiones reportaron entre dos, tres y cuatro alelos, no se encontró ninguna variedad que reportara cinco alelos. Se conoce que los marcadores microsatélites poseen limitaciones cuando se usan en especies poliploides, la limitación más importante es que no pueden revelar el genotipo real de un individuo a causa de la PCR (Zhang *et al.*, 2000). Buteler *et al.* (1999) menciona que la pérdida de genotipos penta y hexa alélicos, se debe al patrón de herencia tetrasómica del camote, es decir el camote tiene dos genomas, siendo más parecido a un alohexaploide, sin embargo Magoon *et al.* (1970) propone que el camote tiene tres genomas. Por lo tanto, la aloploidía como la autoploidía se ha propuesto como la naturaleza de poliploidización del camote, pero hasta ahora no se ha podido determinar con precisión cuantos genomas intervienen en la formación del camote. A pesar de esto Buteler *et al.* (1999) sugiere que los microsatélites podrían, ser capaces de amplificar locis localizados en diferentes pero relacionados genomas de los poliploides, hecho que favorece el uso de los microsatélites para análisis de diversidad en camote. Sin embargo, es necesario realizar la determinación de ploidía dentro de la colección formada ya que como se menciona dentro del manual de normas para los bancos de germoplasma (FAO, 2014) cuando se conservan colecciones de especies con polinización cruzada, es necesario conocer la combinación alélica de los materiales vegetales con el fin de mantener una buena colección en campo y entender la diversidad existente.

Al realizar el dendograma UPGMA con los datos moleculares, usando la distancia genética de Nei, se observó la formación de cuatro grupos genéticos. El análisis mostró, al igual que el estudio morfológico, que los materiales no se agrupan por regiones geográficas, es decir que materiales de regiones distantes pueden ser genéticamente muy próximos o incluso duplicados como observamos con varias accesiones incluidas en la tabla 3.23. Los resultados obtenidos al determinar la distancia genética de Nei muestran valores muy cercanos, por lo que se supone que los grupos pudieron haber divergido hace poco tiempo (Takezaki *et al.*, 2008), Demarchi (2009) menciona que la diversidad genética de una especie tiene un gran impacto en las distancias genéticas, así la magnitud de los valores de distancia será exagerada para poblaciones con menor diversidad.

La descomposición de la varianza a través del AMOVA indican que la contribución a la mayor diversidad genética se debió a las diferencias dentro de cada población (89%, $p=0.001$) las diferencias entre poblaciones también fue significativa ($p=0.001$) pero solo contribuyó al 11% de la variación total. Otros estudios realizados también muestran mayor variación dentro de las poblaciones, Zhang *et al.* (2000) utilizando AFLP al estudiar la diversidad genética de variedades de camote recogidas en América tropical y reportó una alta variación (90%) dentro de las poblaciones y una variación significativa del 10% entre poblaciones. Uno de los factores que conduce al alto grado de variación entre las accesiones, está relacionado con el sistema reproductivo de los cultivares (polinización cruzada), a pesar de que en este trabajo no se reportó que los agricultores visualizaran semillas, si observó la formación de está dentro del banco de germoplasma formado. Veasey *et al.* (2008) menciona que otro de los factores que conduce a un alto porcentaje de diferenciación dentro de cada población, se debe a la incidencia de mutaciones aleatorias en camote (Folquer, 1978; Veasey *et al.*, 2008; Clarke, 2009). Las mutaciones más frecuentes que se presentan en el camote, son las que afectan al color de la cáscara y a la pulpa de las raíces reservantes (Clark *et al.*, 1991). Dentro de la colección de Ecuador por ejemplo se observó al momento de la cosecha, que la accesión ECU 19181 presentaba una mutación somática en el color de la cáscara, encontrando dentro de una misma rama camotes blancos, morados y un camote con la mitad de la epidermis morada y blanca (anexo K); Clark *et al.* (1991) menciona que este tipo de mutaciones se denominan mutaciones mericlinal, donde solo cambia una porción del perineo de la raíz reservante. Folquer (1978) resalta que este tipo de mutaciones han originado nuevas variedades de camote y es un factor importante en la variabilidad de la especie.

En el análisis de duplicados se determinó que el 17.39% de accesiones son duplicados. Ritschel *et al.* (2002) al analizar 324 accesiones de camote de la colección de Embrapa-Brazil reportó la existencia de cerca del 20% de duplicados dentro de la colección. Menciona además que una de las causas principales para la existencia de duplicados es la forma de multiplicación (propagación vegetativa) que usan los agricultores en muchos casos para el intercambio del cultivo. La identificación de duplicados dentro de las colecciones es de vital importancia ya que permite reducir el

número de accesiones que se mantienen en campo y las que se duplican por razones de seguridad en una colección *in vitro*, con lo que se reduce sustancialmente los costos (Engels *et al.*, 2007).

A pesar de que el 17.39% de las accesiones sean duplicados, los resultados muestran que existe alta variabilidad genética entre los materiales y que Ecuador mantiene una importante colección formada por aproximadamente 300 variedades. El centro internacional de la papa conserva actualmente 6855 accesiones de camote (Roseel *et al.*, 2008), de estas 1939 accesiones pertenecían a colectas realizadas dentro de Perú una vez que se caracterizaron e identificaron los duplicados el número fue reducido a 673 variedades (Huaman, 1999). Perú junto a Ecuador han sido considerados centros secundarios de diversidad genética de camote (Zhang *et al.*, 2000), por lo tanto se puede decir que la colección formada actualmente en Ecuador no ha sobreestimado la diversidad existente dentro del país, y el número de variedades encontradas es acorde a la superficie del país (74 120 Km² tierra agrícola) si se compara con el número de accesiones de la colección peruana (215 600 Km² tierra agrícola) (Worldstat, 2014).

CAPÍTULO V

CONCLUSIONES

Gracias a los resultados obtenidos y a los análisis realizados se puede concluir que:

- Mediante esta investigación se logró formar la colección nacional de camote con materiales que representan significativamente todas las zonas geográficas del Ecuador, además se estudió la variabilidad genética existente dentro de esta colección.
- Existe una alta variabilidad entre las accesiones estudiadas, en el dendograma generado a partir de la caracterización morfológica se puede observar la formación de 7 grupos que mantienen características morfológicas diferentes.
- Los descriptores con mayor poder discriminante para la formación de los grupos morfológicos fueron las características de la raíz reservante y características de la hoja ($p < 0.001$). Lo que evidencia que estas variables pueden ser de gran importancia para la caracterización y evaluación de genotipos de camote.
- En el análisis de caracterización molecular se determinó niveles elevados de riqueza alélica (11.12 alelos/locus) y de contenido de información polimórfica (0.812) en la colección, demostrando la existencia de una alta variabilidad genética y un alto nivel de polimorfismo en los materiales analizados.
- El análisis molecular de varianza nos indican que la contribución a la mayor diversidad genética se debió a las diferencias dentro de cada población (89%, $p = 0.001$), uno de los factores principales que conduce al alto grado de variación entre las accesiones, están relacionado con el sistema reproductivo de los cultivares (polinización cruzada).
- En el análisis de agrupamiento tanto para datos morfológicos como para datos moleculares, observamos que las accesiones no se agrupan por regiones

geográficas. Lo que se puede explicar por el intercambio de materiales entre los agricultores y al alto índice de mutaciones somáticas reportadas en la especie.

- En el análisis de duplicados se estimó que el 17.39% de la colección poseen similitud genéticas al 100%, lo cual permite racionalizar el uso de la colección formada. Ya que permite reducir el número de accesiones que se mantienen en campo y las que se duplican por razones de seguridad en una colección *in vitro*. Además la información permite identificar los materiales que pueden ser considerados en la formación de la colección núcleo de camote de INIAP
- Dada las ventajas que presentan los microsatélites como los costos, se puede afirmar que es una técnica adecuada para la caracterización de los bancos de germoplasma en países en desarrollo

CAPÍTULO VI

RECOMENDACIONES

- Es importante completar la información de la caracterización morfológica, induciendo la floración en las accesiones que no la presentaron, con el fin de completar datos relacionados con este carácter.
- A través de esta tesis generada en el DENAREF, el programa de mejoramiento de raíces y tubérculos de INIAP, tiene información básica para emprender trabajos de mejoramiento genético en camote.
- Se recomienda en el caso de existir nuevas introducciones al banco de germoplasma usar para su caracterización, solamente los caracteres morfológicos que presentaron mayor valor discriminante. Ya que es importante considerar que una caracterización morfológica demanda tiempo y altos costos.
- Los grupos 1, 3 y 5 del análisis morfológico son los que presentan mayor número de raíces y mayor peso de la raíz reservante por planta, además presentan características de color de la piel que son deseables por la industria. Por eso se recomienda la utilización de estos grupos morfológicos para estudios de productividad y rendimiento.
- Es recomendable mantener un duplicado de la colección de camote en condiciones *in vitro*, para evitar problemas como la pérdida de materiales por fenómenos naturales y el cruce entre los materiales actualmente caracterizados, por la cercanía de las accesiones en campo.
- Es necesario realizar la determinación de ploidía dentro de la colección formada con el fin de mantener una buena colección en campo, entender la diversidad existente y correlacionar con los datos moleculares obtenidos en esta tesis.

- Es importante completar esta investigación con el análisis bromatológico de cada uno de los morfotipos determinados, con el fin de determinar el contenido nutricional de las raíces reservantes y fomentar su consumo en la población ecuatoriana.
- Se recomienda realizar evaluaciones de resistencia a enfermedades o plagas con la colección núcleo identificada en esta tesis.

CAPÍTULO VII

BIBLIOGRAFÍA

- Afolabi, M., Carey, E. & Akorada, M. (2014). Effects of staking on flower induction, pollination and cross-compatibility among sweet potato (*Ipomoea batatas* (L.) Lam). *Academia Journal of Agricultural Research*, 2 (2), 36-42.
- Alcántara, M. (2007). Breve revisión de los Marcadores Moleculares. Recuperado de <http://www.inecc.gob.mx/publicaciones/libros/530/cap18.pdf>
- Andrade, R. (2009). *Caracterización morfoagronómica y molecular de la colección de chirimoya en la granja experimental Tumbaco* INIAP. (Tesis de pregrado). Escuela Politécnica del Ejército, Sangolquí.
- Andrade, R.D., Torres, R., Montes, E.J. Pérez, O.A., Acuña, C.A. & Narváez, G.J. (2009). *Obtención de aguardiente a partir de batata (Ipomoea batatas)*. (Tesis de pregrado). Universidad de Sucre, Córdoba.
- Acheampong, V. (2012). *Phenotypic and molecular characterization of released and elite sweetpotato varieties in Ghana compared with virus-tested putative ramets* (tesis de maestría). Kwame Nkrumah University of science and technology-
- Ayala, E. (2008). Resumen de la historia del Ecuador. *Universidad Andina Simón Bolívar*. Recuperado de <http://www.comunidadandina.org/bda/docs/EC-CA-0001.pdf>
- Austin, D. (1987). The taxonomy, evolution and genetic diversity of sweet potatoes and related wild species. Exploration, maintenance and utilization of sweetpotato genetic resources. *Crop science*, 1, 27-60.
- Austin, D. (1992). The taxonomy, evolution and genetic diversity of sweet potatoes and related wild species. *Centro Internacional de la papa*. Recuperado de:

<http://sweetpotatoknowledge.org/germplasm/germplasmcollection/The%20taxonomy%20evolution%20and%20genetic%20diversity%20of%20sweetpotatoes%20and%20related%20wild%20species.pdf>

- Basantes, M. (2011). *Caracterización Molecular de la Colección Nacional de Camote (Ipomoea spp.) del banco nacional del INIAP mediante marcadores microsátélites* (tesis de pregrado). Escuela Politécnica del Ejército. Sangolquí.
- Backer, J. (1976). *Utilización integral del camote (Ipomoea batata (L) Lam.) en la producción de carne* (tesis de maestría). Centro agronómico tropical de investigación y enseñanza, Costa Rica.
- Caribbean Agricultural Research and Development Institute. (CARDI) (2010). *Sweet Potato Technical Manual*. Recuperado de http://www.cardi.org/wp-content/uploads/2011/07/SweetPotato_TechnicalManual.pdf
- Carrillo, J. (2000). Los marcadores genéticos en la mejora vegetal. España. *Universidad Politécnica de Valencia*.
- Centro de Documentación e información Regional (CEDIR-Cipca). (2005). *Camote*. Recuperado de http://www.cipca.org.pe/cipca/informacion_y_desarrollo/agraria/fichas/camote.htm.
- Chamba, L. (2008). Cultivo del camote para el mercado internacional. Recuperado de www.biotecnologiaproyecto09.wikispaces.com/file/.../cultivo-del-camote.doc
- Chávez, R., Gallo P., Rossel, G., Reynoso., D. (2001). Caracterización morfológica y molecular de genotipos mejorados de camote (*Ipomoea batatas* L.) para ecosistemas árido-salino-bóricos. *Ciencia y desarrollo*. 8, 1-32.
- Chambers, G.K. & Macavoy, E.S. (2000). Microsatellites: consensus and controversy. *Comp Biochem Physiol B Biochem Mol Biol*, 26(4):455-76.

- Centro Internacional de la Papa (CIP). (1988). Mejoramiento de la batata (*Ipomoea batata* L) en Latinoamérica. Memorias del "Seminario sobre el mejoramiento de la batata en Latinoamérica". CIP, Lima, junio 9-12, 1987
- Clark, C. A., & Moyer, J. W. (1991). *Compendio de Enfermedades de la Batata* (47-53). Lima: Centro Internacional de la Papa.
- Clarke, A. C. (2009). *Origins and dispersal of the sweet potato and bottle gourd in Oceania: Implications for Prehistoric Human Mobility*. (Tesis doctoral). Massey University, Palmerston North, New Zealand,
- Cobeña, G. (2010). Situación actual del camote (*Ipomoea batata* L.) en Ecuador. Recuperado de <http://www.sian.info.ve/porcinos/eventos/peru/gloria.htm>
- Cruz Zárate, E., & Vargas Herrera, M. (2011). *Diseño de una planta procesadora de galletas, utilizando harina de camote (Ipomoea batata), ubicada en Guayllabamba Provincia de Pichincha* (tesis de pregrado). Universidad de las Américas, Quito.
- Cuadras, C. (1989). Distancias estadísticas. Departamento de estadística. Universidad de Barcelona. 30 (119): 295-378
- Cubero, J. (1999). *Introducción a la genética Vegetal*. España: Universidad de Córdoba.
- Daros, M.; Amaral, A.; Pereira, T.; Leal, N.; Freitas, S. & Sedyama, T. (2002) Caracterização morfológica de acessos de batata-doce. *Horticultura Brasileira*, 20 (1), 43-47.
- Demey, J. (2008). *Diversidad genética en bancos de germoplasma: un enfoque biplot* (Tesis Doctoral). Universidad de Salamanca, España.
- Dellaporta; S.; Wood, J.; Hicks, J. (1983). A plant DNA minipreparation. *Plant Molecular Biology Reporter*, 2 (1),19-21.

- Demarchi, D. (2009). Microsatélites, distancias genéticas y estructura de poblaciones nativas sudamericanas. *Revista Argentina de antropología biológica*, 11 (1), 73-88.
- Dondo, G. (2008). *El cultivo de la batata*. Universidad Nacional de Entre Ríos, Buenos Aires.
- Ecuador. (2009). *Ley orgánica del Régimen de la Soberanía Alimentaria*. ECO46
- Egusquiza, B. (2000). *La papa, producción, transformación y comercialización*. Universidad agraria la Molina. Lima
- Elias, M. & Muhlen, G. (2004). Genetic Diversity of traditional South American landraces of cassava (*Manihot esculenta* Crantz): an analysis using microsatellites. *Crop Science*, 2 (58), 242-256
- Engels, J. (1983). A systematic description of cacao clones. *The discriminative value of quantitative characteristics*, 1 (32), 387-396.
- Engels, J.; Visser, L. (2007). Guía para el manejo eficaz de un banco de germoplasma. Manual para bancos de germoplasma No.6. *Bioversity International*, Roma, Italia.
- Excoffier, L., Smouse, E., & Quattro, J. (1992). Analysis of Molecular Variance Inferred from metric distances among DNA haplotypes: application to human mitochondrial DNA restriction data. *Genetics*, 131:480-489.
- FAO. (2010). Marcadores moleculares: una herramienta para explorar la diversidad genética. La situación de los recursos zoogenéticos mundiales para la alimentación y la agricultura (Sección C). Recuperado de <http://www.fao.org/docrep/012/a1250s/a1250s17.pdf>
- FAO. (2011). Estado de la diversidad de los cultivos principales y secundarios. Recursos Fitogenéticos para la alimentación y la agricultura en el Mundo. (Apéndice 4). Recuperado de <http://www.fao.org/docrep/014/i1500s/i1500s10d.pdf>

- FAO. (2014). Normas para bancos de germoplasma de recursos fitogenéticos para la alimentación y la agricultura. Recuperado de <http://www.fao.org/docrep/019/i3704s/i3704s.pdf>
- FAOSTAT. (2006). La diversidad de la naturaleza un recurso valioso. Conservación y empleo de recursos genéticos. Recuperado de <http://www.fao.org/docrep/014/i1500s/i1500s10d.pdf>
- Fundación de desarrollo Agropecuario (FDA). (1995). Cultivo de Batata (Boletín técnico No. 24). Recuperado de <http://www.rediaf.net.do/publicaciones/guias/download/batata.pdf>
- Figueroa, C. (2010). *Caracterización agronómica de germoplasma de camote (Ipomoea batata L.) en Manabí* (tesis de pregrado). Universidad técnica de Manabí. Manabí-Ecuador
- Folquer. (1978). *La batata (camote) estudio de la planta y su producción comercial*. IICA, Colombia.
- Franco, T., & Hidalgo, R. (2003). *Análisis estadísticos de datos de caracterización morfológica de recursos fitogenéticos* (Boletín técnico no. 8). IPGRI, Roma.
- Gathoni, V. (2003). *Analysis of diversity among East African sweet potato cultivars (Ipomoea batatas) using morphological and simple sequence repeats DNA markers* (Tesis de maestría). University of Nairobi, Kampala.
- Gomes, E. (2009). *Diversidade genética entre acessos de batata-doce (Ipomoea batatas L.) avaliada através de marcadores microsatélites e descritores morfoagronômicos* (Tesis de doctorado). Universidade de Sao Paulo, Brasil.
- González, E. G. (2003). Microsatélites: sus aplicaciones en la conservación de la Biodiversidad. *Graellsia*, 59 (2), 377-388.
- González, Y. (2003). *Caracterización morfológica y molecular de genotipos de Discorea alba y D. trifida del instituto de investigaciones agropecuarias de*

- Panamá* (Tesis de maestría). Centro agronómico tropical de investigación y enseñanza, Costa Rica.
- Gower, J. (1967). A comparison of some methods of cluster analysis. *Biometrics*, 23, 623-637.
- Gutiérrez, H., & De La Vara, R. (2008). *Análisis y diseño de experimentos*. México: Mc. Graw-Hill.
- Harouna, S. (2006). *Establishment of core collection of sweetpotato (Ipomoea batatas L.) germplasm using RAPD markers* (tesis de doctorado). University Putra Malaysia.
- Hayden, M., Stephenson, A., Logojan, D., Khatkar, C., Rogers, J., Elsdén, R.M., Koebner, J.W., Snape P. & Sharp, J. (2006). Development and genetic mapping of sequence-tagged microsatellites (STMs) in bread wheat (*Triticum aestivum* L.). *Theor Appl Genet.*, 113, 1271-1281.
- Hernandez, T., Hernandez, T. & Miller, J. (1964). Frequency of somatic mutations in several sweet potato varieties. *Proc Am Soc Hortic Sci*, 85, 430-434.
- Hidalgo, R., & Franco, T. (2003). *Análisis Estadístico de datos de caracterización morfológica de recursos fitogenéticos*. IPGRI: Roma.
- Huang, J. C. & Sun, M. (2000). Genetic diversity and relationships of sweetpotato and its wild relatives in *Ipomoea* series Batatas (*Convolvulaceae*) as revealed by inter-simple sequence repeat (ISSR) and restriction analysis of chloroplast DNA. *Theor Appl Genet* 100, 1050-1060.
- Hu, J., Nakatani, M., Mizuno, K. & Fujimura, T. (2004). Development and Characterization of microsatellite markers in sweetpotato. *Breeding science*, 54, 177-188.
- Huamán, Z. (1992). *Botánica sistemática y morfología de la planta de Batata o Camote*. Perú: Centro Internacional de la Papa.

- Huamán, Z. (1992). *Identificación morfológica de duplicados en colecciones de Ipomoea batatas*. Lima: CIP.
- Huamán, Z. (1991). *Descriptores de la batata*. Perú: CIP/ AVRDC/ IBPGR.
- Huamán, Z. (1999). *Sweetpotato germplasm management (Ipomoea batatas): training manual*. Lima: CIP.
- Huamani, K. (2009). *New SSRs for sweetpotato*. Centro Internacional de la papa. Recuperado de <https://research.cip.cgiar.org/confluence/display/~KHUAMANI/SSR+FOR+SWEET+POTAT>
- INIAP. (1997). *Informes Técnicos Anuales. Programa nacional de raíces y tubérculos rubro Yuca-Camote*. Estación Experimental Portoviejo. Manabí-Ecuador.
- INIAP. (2009). *Proyecto: soberanía y seguridad alimentaria basada en la producción sana de alimentos*. Instituto nacional autónomo de investigaciones agropecuarias – INIAP, dirección de transferencia y difusión de tecnología agropecuaria. Recuperado de [http://www.iniap.gob.ec/nsite/images/stories/descargas/proyectos_inversion_iniap/priorizados_senplades/produccion_limpia/SeguridadySoberaniaAlimentaria\(ECUVEN\)](http://www.iniap.gob.ec/nsite/images/stories/descargas/proyectos_inversion_iniap/priorizados_senplades/produccion_limpia/SeguridadySoberaniaAlimentaria(ECUVEN)).
- Institute, I. P. (2000). *Etapas de la conservación ex situ de recursos fitogenéticos. Manejo del germoplasma conservado*. Recuperado de http://www.biodiversityinternational.org/fileadmin/user_upload/online_library/publications/pdfs/1645_Exsitu_conservation_diapositivas.pdf
- Jarret, R., Gawel, N., & Whittemore, A. (1992). Phylogenetic Relationships of the Sweet potato. *J. Amer. Soc. Hort. Sci*, 117 (4), 633-637.
- Jones, T. L., Storey, A. A., Matisoo-Smith, E. A., & Ramírez-Aliaga, J. M. (2011). *Polynesians in America: Pre-Columbian Contacts with the New World*. United States of America. *AltaMira Press*, 263-276.

- Karp A, Kresovich S, Bhat, K.V. , Ayad, W.G. & Hodgkin, T. (1997). *Molecular tools in plant genetic resources conservation: A guide to the technologies* (Boletín técnico No. 2). Roma: International Plant genetic Resources Institute.
- Koussao, S., Gracen, V., Asante, I., Danquah, E., Ouedraogo, J., Baptiste, T., Jerome, B & Vianney, T. (2013)- Diversity analysis of sweet potato (*Ipomoea batatas* (L.) Lam) germplasm from Burkina Faso using morphological and simple sequence repeats markers. *African Journal of Biotechnology*. 13 (6), 729-742.
- Knudsen, H. (2000). Directorio de colecciones de germoplasma en America Latina y el Caribe. Primera edición. *International Plant Genetic Resources Institute* (IPGRI), Roma, Italia.
- Larenas, V., López, H., & Accatino, P. (1994). Introducción, selección y comercialización de nuevas variedades de Batata (camote) en Chile. INIA – CIP, 2 (45), 9-22.
- León, J. (2000). *Botánica de los cultivos tropicales*. San José: IICA
- Linares, E., Bye, R., Ramirez, R. & Pereda, M. (2009). *El camote*. México: CONABIO.
- LI-COR. (2009). Automated Microsatellite Analysis. *Biosciences*. Recuperado de <http://www.licor.com/bio/PDF/genomics/microsat.pdf>
- Liu, K. & Muse, S. (2005). Power Marker: Integrated analysis environment for genetic marker data. *Bioinformatics*, 21(9), 2120-2130.
- Maquia, I., Muocha, I., Naico, A., Martins, N., Gouveia, M., Andrade, I., Goulao, L.& Ribiero, A. (2013). Molecular, morphological and agronomic characterization of the sweet potato (*Ipomoea batatas* L.) germplasm collection from Mozambique: Genotype selection for drought prone regions. *South African Journal of Botany*, 88, 142-151.
- MAGAP. (2009). Producción de tubérculos en el Ecuador. Recuperado de: www.agricultura.gob.ec

- Martí, H., Corbino, G., & Chludil, H. (2011). La batata: el redescubrimiento de un cultivo. *Dialnet*, 21(121), 17-23.
- Marín, J. (2013). *Macro y microevolución de la heterostilia y polimorfismos estilares relacionados*. Universidad de Sevilla.
- Medina, J. A. (1986). *Caracterización preliminar de 16 entradas de camote (Ipomoea batata) en Moyuta, Jutiapa; recolectadas en Santa Rosa, Quiché, Baja Verapaz y Petén* (Tesis de pregrado). Universidad San Carlos, Guatemala.
- Milbourne, D., Meyer, R., Collins, A., Ramsay, L., Gebhardt, C. & Waugh, R. (1998). Isolation, characterisation and mapping of simple sequence repeat loci in potato. *Molecular and General Genetics*, 259(3), 233-245.
- Milton, S. (2001). Estadística para biología y ciencias de la salud. Tercera edición. Apéndice D.651-667
- Ministry for Primary Industries (MPI). (2012). *Ipomoea (Sweetpotato/Kumara) Post-entry Quarantine: Testing Manual*. New Zealand: Growing and Protecting. Recuperado de <http://www.biosecurity.govt.nz/files/regs/imports/plants/high-value-crops/ipomoea-testing-manual.pdf>
- Mba, C., Stephenson, P., Edwards, K., Melzer, S., Nkumbira, J., Gullberg, U., Apel, K., Gale, M., Tohme, J., & Fregene, M. (2001). Simple sequence repeat (SSR) markers survey of the cassava (*Manihot esculenta* Crantz) genome: towards an SSR-based molecular genetic map of cassava. *Theoretical and Applied Genetics*, 102 (1), 21-31.
- Montes, A. I., Oropeza, R. A., Romero, C., Rodriguez, E., & Arias, J. J. (2010). Composición mineral y comparación de raíces reservantes de variedades de batatas cultivadas en la isla de La Palma, España. *Revista Venezolana de ciencia y tecnología de Alimentos*. 1 (1), 1-19.
- Monique, M., Rodrigues, R., Simoes, L., Gonzalves, A., Sundré, C. & Pereira, M. (2002). A comparison of RAPD and ISSR markers reveals genetic diversity

- among sweet potato landraces (*Ipomoea batatas* (L.) Lam.). *Acta Scientiarum*, 34 (2), 139-147
- Montaldo, A. (1977). *Cultivo de raíces y tuberculos tropicales*. Editorial IICA, 2, 164-168.
- Morell, M.K.; Peakall, R.; Appels, R.; Preston, L.R. & Lloyd, H.L. (1995). DNA profiling techniques for plant variety identification. Recuperado de <http://www.publish.csiro.au/paper/EA9950807.htm>
- Morillo, E. (2002). *Protocolos de Marcadores Moleculares*. Estación Experimental Santa Catalina: INIAP.
- Mok, I., Schmiediche, P. (1999). Collection, characterizing and maintaining sweetpotato germplasm in Indonesia. *Plant Genetic Resources*. 118, 12-18.
- Nagy, S. Poczai, P., Cernák, I. Gorji, A., Hegedus, G. & Taller, J. (2012). PICcalc: an online program to calculate polymorphic information content for molecular genetic studies. *Biochemical Genetics*. 50 (9), 670-672.
- Oliveira, A., Sedimaya, M.; Sedimaya, T. & Cruz, C. (2000). Avaliação da divergência genética em batata-doce por procedimentos multivariados. *Acta Scientiarum*, 22, 895-900.
- Pardo, A. & Ruíz, M. (2002). IBM SPSS Statistics 21 versión para estudiantes.
- Peakall, R. & Smouse, P. (2005). *GenAlEx 6: Genetic Analysis in Excel*. The Australian National University, Australia.
- Pérez, C. (2004). *Técnicas estadísticas con SPSS*. Editorial Pearson, 192-202.
- Pedroza, H. & Dicovsfi, L. (2006). *Sistema de análisis estadístico con SPSS*. Instituto interamericano de cooperación para la agricultura IICA.
- Picó, M. & Gómez, C. (2011). *Marcadores SSR o STR*. Marcadores moleculares basados en PCR. Universidad Politécnica de Valencia, España.

- Pinto, B. (2012). El cultivo del camote y el clima en el Ecuador. *Estudios e Investigaciones meteorológicas INAMHI*. Recuperado de: <http://186.42.174.231/meteorologia/articulos/agrometeorologia/El%20%20cultivo%20del%20camote%20y%20el%20clima%20en%20el%20Ecuador.pdf>
- Polanco, M. F. (2011). *Caracterización morfológica y molecular de materiales de Yacón (Smalanthus sonchifolius Poep. & Endl) H. Robinsón colectados en la Eco Región eje cafetero de Colombia* (Tesis de pregrado). Universidad Nacional de Colombia, Colombia.
- Powell, W., Morgante, M., Andre, C., Hanafey, M., Vogel, J., Tingey, S. & Rafalski, A. (1996). The comparison of RFLP, RAPD, AFLP and SSR (microsatellite) markers for germplasm analysis. *Molecular Breeding*, 2, 225-238.
- Proaño, J. (2012). *El efecto del uso de probióticos (Lactobacillus plantarum & Lactobacillus casei) y enzimas amilasas (Fugamyl) & pectinasas (AFPL), en la fermentación ácido-láctico de Camote (Ipomoea batatas L.)* (Tesis de grado). Universidad técnica de Ambato.
- Reed, B., Engelmann, F., Dullo, M. & Engells, J. (2004). Technical guidelines for the mangagement of field and vitro collections. *International Plant Genetic Resource Institute*, Roma, Italia.
- Riascos, J. (2014). Diversidad genética en variedades de caña de azúcar (Saccharum spp.) usando marcadores moleculares. *Revista Colombiana de Biotecnología*, 224, 11-42.
- Ritschel, P. & Huáman, Z. (2002). Variabilidade morfológica da coleção de germoplasma de batata-doce da Embrapa-Centro Nacional de Pesquisas de Hortaliças. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 37, (4), 485-492.
- Rojas, W. (1998). *Análisis de la diversidad genética del germoplasma de quinua (Chenopodium quinua Willd.) de Bolivia, mediante métodos multivariados* (Tesis de maestría). Universidad austral de Chile.

- Rossel, G., Espinoza, C., Javier, M., & Tay, D. (2008). *Regeneration Guidelines: sweet potato*. Lima: International Potato Center.
- Roullier, C., Kambouo, R., Paofa, J., & Lebot, V. (2003). On the origin of sweet potato (*Ipomoea batatas* (L.) Lam.) genetic diversity in New Guinea, a secondary centre of diversity. *PNAS*, 110 (6), 594-604.
- Saga GT. (2014). LI-COR. Recuperado de: http://www.licor.com/bio/products/software/saga_gt/details.html
- Sánchez, G. (2011). Diversidad del maíz y el teocintle. Informe preparado para el proyecto: "Recopilación, generación, actualización y análisis de información acerca de la diversidad genética de maíces y sus parientes silvestres en México". *Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad*. Manuscrito.
- Sánchez, J. (2014). Cocina ecuatoriana. Casa de la cultura Ecuatoriana. Recuperado de: http://www.ecuaworld.com.ec/cocina_ecuatoriana.htm
- Salvador, M., & Gargallo, P. (2003). Análisis Exploratorio de Datos. Recuperado de <http://www.5campus.com/leccion/aed>
- Scaglione, R. & Cordero, M. (2007). *Camote Ecuatoriano en Polinesia posible evidencia de su difusión en tiempos prehistóricos*. Department of Anthropology. University of Pittsburgh, 77-99.
- Srinivas, T. (2009). Economics of sweetpotato production and marketing. *The sweetpotato*. 1 (12), 235-267.
- SIICEX. (2014). Camote. Sistema Integrado de Información de Comercio exterior. Recuperado de: <http://www.siicex.gob.pe/siicex/resources/fichaproducto/camote1.pdf>
- Soegianto, A., Ardiarini, N. R., & Sugiharto, A. N. (2011). Genetic Diversity of Sweet Potato (*Ipomoea batatas* L.) in East Java. *Journal of Agriculture and Food Technology*, 1 (9), 179-183.

- Srisuwan, S., Sihachakr, D., & Sikjak-Yakovlev, S. (2006). *The origin and evolution of sweet potato (Ipomoea batatas Lam.) and its wild relatives through the cytogenetic approaches*. Université Paris. Francia
- Tapia, C. (1998). *Caracterización morfológica y molecular de la diversidad genética de la colección de Pachyrhizus tuberosus (Lam) Spreng. del CATIE* (Tesis de maestría). Centro agronómico tropical de investigación y enseñanza, Costa Rica.
- Takezaki, N. & Nei, M. (2008). Empirical test of the reliability of phylogenetic trees constructed with microsatellite DNA. *Genetics*, 178, 385-392.
- Tumwegamire, S. (2011). *Genetic variation, Diversity and Genotype by environment interactions of nutritional quality traits in east African sweetpotato*. Makerere University, Kampala Uganda.
- USDA. (2011). U.S. Sweet Potato Statistics. Recuperado de <http://usda.mannlib.cornell.edu/MannUsda/viewDocumentInfo.do?documentID=1492>
- Van de Peer, Y. & Wachter, Y. (1994). TREECON for Windows: a software package for the construction and drawing of evolutionary trees for the Microsoft Windows environment. *Comput. Applic. Biosci.* 10, 569-570.
- Veasey, E. Silva, J., Borges, A., Bressan, E. & Peroni, N.(2007). Phenology and morphological diversity of sweet potato (*Ipomoea batatas*) landraces of the Vale do Ribeira. *Sci Agric*, 64, 416-427.
- Veasey, E., Borges, A., Silva, M., Queiroz, J., Andrade, E. & Peroni, N. (2008). *Genetic diversity in Brazilian sweet potato (Ipomoea batatas (L.) Lam.) landraces assessed with microsatellite markers*. Sao Paulo: Sociedad Brasileira de Genética.

- Vendramin, G.G., Lelli, L., Rossi, P. & Morgante, M. (1996). A set of primers for the amplification of 20 chloroplast microsatellites in Pinaceae. *Molecular Ecology*, 5, 595-598
- Visuata, B. & Marturi, J. (2003). Análisis estadístico en SPSS para Windows. *Estadística multivariante*, 2 (2), 164-191.
- Vinod, K. (2011). Structured association mapping using STRUCTURE and TASSEL. *Indian Agricultural Research Institute*, 1, 1-15.
- Ward, J. (1963). Hierarchical grouping to optimize an objective function. *Journal of the American Statistical Association*, 58, 236-240.
- White, T., Adams, W. & Neale, D. (2007). Genetic markers - morphological, biochemical and molecular markers. Recuperado de http://www.plantsciences.ucdavis.edu/bit150/DN_Lecture/Neale_chapter4.pdf
- Wordstat. (2014). Recuperado de http://es.worldstat.info/South_America/Peru/Land
- Yáñez, V. (2002). *Aislamiento y Caracterización de Marcadores Moleculares Microsatélites a partir de la construcción de Librerías Genómicas enriquecidas de camote (Ipomoea batata (L.) LAM)*. Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Perú.
- Yasmin, S., Islam, M., Kondoker, M., Nasiruddin, M. & Alam, S. (2006). Molecular characterization of potato germplasm by Random amplified polymorphic DNA markers. *Biotechnol*, 5:27-31
- Zambrano, J. (2014). Típicos platos reemplazan a la fanesca en Manabí. El Universo. Recuperado de: <http://www.eluniverso.com/noticias/2014/04/15/nota/2726651/tipicos-platos-reemplazan-fanesca-manabi>

- Zhang, D., Ghislanin, M., Huaman, Z., Cervantes, J., & Carey, E. (1998). AFLP assesment of sweetpotato genetic diversity in four tropical American regions. CIP, Perú.
- Zhang, D., Rossel, G., Kriegner, A. & Hijmans, R. (2004). AFLP assessment of diversity in sweetpoato from Latin America and the Pacific región: Its implications on the dispersal of the group. *Genetic resource and crop evolution*. 51, 115-120.