

**ESCUELA POLITÉCNICA DEL EJÉRCITO**

**DEPARTAMENTO DE CIENCIAS DE LA VIDA  
INGENIERÍA EN BIOTECNOLOGÍA**

**“CARACTERIZACIÓN MOLECULAR DE LA COLECCIÓN  
NÚCLEO DE MAÍZ (*Zea mays*) DE ALTURA DEL BANCO DE  
GERMOPLASMA DEL INIAP MEDIANTE MARCADORES  
MOLECULARES MICROSATÉLITES”**

**PREVIA A LA OBTENCIÓN DE GRADO ACADÉMICO O TÍTULO  
DE: INGENIERA EN BIOTECNOLOGÍA**

**ELABORADO POR:**

**ANA DOLORES GARRIDO HARO**

**SANGOLQUÍ, 29 DE SEPTIEMBRE 2010**

## RESUMEN

El cultivo de maíz es uno de los más importantes en el Ecuador, especialmente en la región Sierra, donde existe una superficie cultivada de 229.636 ha. Este cereal es considerado un componente básico de subsistencia en la dieta de la población por su gran valor alimenticio. El objetivo del presente estudio es determinar la variabilidad genética de la colección núcleo de maíz de altura del Banco Nacional de Germoplasma del INIAP mediante 13 marcadores moleculares microsatélites SSR marcados con fluorescencia por la técnica M13-Tailing. Para lo cual se realizó la extracción mediante el método de extracción de Colombo, se amplificaron los microsatélites mediante PCR y se genotiparon en el secuenciador LI-COR 4300S, permitiendo caracterizar de manera más fina la diversidad de *Zea mays*.

Los análisis estadísticos realizados (UPGMA, PCO, AMOVA, estadísticas F, Distancias genéticas de NEI) corroboran la robustez de esta diferenciación genética. Mediante estos análisis se registraron 90 alelos en los 13 locus analizados con un promedio de 7.0 alelos/locus, se obtuvo un promedio de genotipos de 14,38; para la heterocigosidad esperada ( $H_e$ ) se obtuvo un valor de 0,65 y la heterocigosidad observada ( $H_o$ ) tuvo una media de 0,3665 siendo un valor medio debido a la naturaleza alógama de reproducción del maíz. El valor de PIC promedio fue de 0.6143 el cual indica que los marcadores SSR pueden ser aplicables de forma eficaz para detectar polimorfismo. El UPGMA y el Análisis de Coordenadas Principales revelaron un pequeño grupo diferenciado en la cual se agrupan la mayoría de las accesiones pertenecientes a la variedad blanco blandito posiblemente esto se debe a que la variedad blanco blandito constituye una variedad evolutiva derivada de las variedades tipo harinoso con las que se refleja.

La diversidad genética no se explica por lugar de origen, ni por variedades esto puede explicarse posiblemente debido a que en el Ecuador han existido importantes movimientos migratorios poblacionales especialmente de las provincias sureñas hacia varias provincias del centro, norte del país y además del oriente amazónico, lo que ha dado lugar al movimiento de las diferentes variedades.

The corn crop is one of the most important in Ecuador, especially in the Highlands, where there is a cultivated area of 229.636 hectares. This cereal is considered a basic subsistence component in people's diet because of its great nutritional value. This study is aimed to determine the genetic variability of the high altitude maize core collection from the National Germplasm Bank INIAP, by the use of 13 SSR microsatellite markers which are marked with fluorescence by the technique M13-Tailing. The extraction was done by the use of Colombo extraction method, the microsatellite were amplified by PCR and were genotyped in the sequencer LI-COR 4300S, which allowed to characterize in a finer way the diversity of *Zea mays*. The statistical analysis (UPGMA, PCO, AMOVA, F statistics, distances NIS) confirmed the robustness of this genetic differentiation. By this analysis 90 alleles in the 13 loci analyzed, registered an average of 7.0 alleles / locus, an average of 14.38 genotypes was obtained, for the expected heterozygosity ( $H_e$ ) a value of 0.65 was thrown: observed heterozygosity ( $H_o$ ) had an average of 0.3665, this is an average value due to the allogamous nature of maize breeding. The average value of PIC was 0.6143; indicating that SSR markers can be applied effectively to detect polymorphism. The UPGMA and principal coordinate analysis revealed a small distinctive group in which most accessions are grouped belonging to the soft white variety, possibly because the soft white variety is an evolving variety which is derived from the floury type variety which it is reflected with.

Genetic diversity is not explained by place of origin, nor for varieties, this can possibly be explained because in Ecuador there have been significant population migration especially specially from the southern provinces to several provinces in the center and northern parts of the country and even to the Amazon area, which has given rise to the movement of different varieties.

In the short term will be important to have the morpho agronomic information of the materials and additional molecular analysis to determine the origin of this genetic divergence.