



ESPE
UNIVERSIDAD DE LAS FUERZAS ARMADAS
INNOVACIÓN PARA LA EXCELENCIA

DEPARTAMENTO DE CIENCIAS DE LA VIDA Y LA AGRICULTURA

CARRERA DE INGENIERÍA EN BIOTECNOLOGÍA

**TESIS PREVIO A LA OBTENCIÓN DEL TÍTULO DE INGENIERA EN
BIOTECNOLOGÍA**

AUTOR: SILVA CISNEROS MARÍA CRISTINA

**TEMA: CARACTERIZACIÓN MOLECULAR DE LAS RAZAS DE CALGUIL,
TUSILLA Y OTROS MATERIALES DEL BANCO DE TRABAJO DEL
PROGRAMA MAÍZ DEL INIAP**

DIRECTOR: PHD. PROAÑO KARINA

CODIRECTOR: ING. TAIPE MARCO

SANGOLQUÍ, ENERO 2014

RESUMEN

El maíz (*Zea mays* L.) debido a su diversidad genética y a sus múltiples utilidades es un producto con alto interés de investigación en el país. Por esta razón, en la presente investigación se realizó el análisis de la variabilidad genética en este cereal. Se caracterizó molecularmente 86 accesiones pertenecientes al Banco de Trabajo del Programa de Maíz del Instituto Nacional de Investigaciones Agropecuarias, determinándose la diversidad y estructura genética. Las muestras fueron genotipadas en el analizador de ADN LI-COR 4300. Los análisis de diversidad genética revelaron un total de 72 alelos de los 9 locus en análisis, con un promedio de 8 alelos/locus. El locus phi053 fue el más polimórfico. El PIC reportado fue de 0,58, la heterocigosidad esperada de 0,63 y la heterocigosidad observada de 0,46, siendo indicadores de la alta diversidad genética. El análisis de similitud UPGMA y el análisis de coordenadas principales PCO determinaron la falta de estructura genética en las muestras estudiadas. El análisis por razas canguil y tusilla reveló una diferencia genética de 7%, mientras que en comparación con los materiales mezclas de maíz presentan una diferencia genética del 4%. Con el análisis realizado se observó que la colección del Banco de Trabajo del Programa de Maíz posee diversidad genética, la mayor parte ocurre dentro de las poblaciones más que entre las razas. Por lo tanto es importante conservar la diversidad genética de las razas nativas de maíz por su valor económica, social y contribución en la alimentación humana.

Palabras clave: maíz, microsatélites, variabilidad, locus, molecular.

ABSTRACT

The maize is most important because of its valuable characteristics such their genetic diversity and their multiple uses is a product with high interest in research for the agriculture sector. A study of genetic variability in this seed was done in this research. It was carried out a molecular characterization of 86 samples of corn from the working collection of Maize Program (INIAP) which determined the genetic diversity and structure. Nine microsatellites was used using by the M13-Tailing technique. The samples were genotyped using the DNA analyzer LI-COR 4300. Genetic diversity analysis revealed a total 72 alleles in the 9 locus, showing an average of 8 alleles/locus. The locus phi053 was the most polymorphic. The PIC obtained was 0.58, the expected heterozygosity was 0.63 and the observed heterozygosity was 0.46, being indicators of high genetic diversity. The UPGMA similarity analysis and the principal coordinate analysis (PCO) identified the lack of genetic structure in the samples studied. The Analysis by races canguil and tusilla revealed a genetic difference of 7%, while compared to materials blends of maize have a genetic difference of 4%. This analysis it was observed that the collection of Maize Program has genetic diversity, most occurs within populations than among races. It is important to preserve the genetic diversity of the native races of maize by its value economic, social and contribution in the human diet.

Key words: maize, microsatellites, genetic diversity, locus, molecular.