

ESCUELA POLITÉCNICA DEL EJÉRCITO

FACULTAD DE CIENCIAS AGROPECUARIAS -IASA

"GRAD. CARLOMAGNO ANDRADE PAREDES"

**EVALUACIÓN Y CARACTERIZACIÓN MORFOLÓGICA Y MOLECULAR
DE GERMOPLASMA DE MAÍZ DURO DE ALTURA**

CHRISTIAN LEOPOLDO VASCO PÉREZ

**INFORME DEL PROYECTO DE INVESTIGACIÓN
PRESENTADO COMO REQUISITO PARCIAL PARA
OPTAR AL TÍTULO DE INGENIERO AGROPECUARIO**

SANGOLQUÍ - ECUADOR

2001

VII. RESUMEN

El presente estudio tuvo por objeto la caracterización morfológica y molecular de 47 accesiones de maíz duro de altura, correspondientes a 40 colectas, 3 variedades, 3 poblaciones y un pool genético.

La fase de campo se llevó a cabo en la “Sección Oriental” de la Estación Experimental “Santa Catalina” ubicada en la Parroquia de Amagüeña de la provincia de Pichincha a 2750 m de altitud, con una temperatura promedio de 14.4 °C y una precipitación anual de 1480 mm.

Para la caracterización morfológica se utilizó una matriz de distancia entre 47 accesiones para un total de 44 caracteres cualitativos y cuantitativos, la misma que fue obtenida por medio del paquete estadístico SAS (Statistical Analysis System) versión 6.12, y en la cual se basó el algoritmo multivariado del agrupamiento jerárquico de Ward (1963). Las distancias existentes entre los grupos se analizaron para los caracteres de mayor poder discriminante “D”. Mediante la aplicación de la metodología antes mencionada, se pudo determinar la existencia de tres grupos constituidos por 28, 11 y 8 entradas respectivamente.

Los caracteres cualitativos con mayor poder discriminante fueron en ese orden: cantidad de follaje, tamaño de la espiga, tipo de grano, color del tallo y forma de la mazorca más alta, mientras que el único carácter cuantitativo que aportó para la diferenciación entre grupos fue la altura de mazorca, estableciéndose que los caracteres cualitativos fueron más determinantes en los agrupamientos.

La caracterización molecular tuvo lugar en el Laboratorio de Biología Molecular del Departamento Nacional de Recursos Fitogenéticos (DENAREF); y se hizo en base a marcadores RAPD y por medio de una matriz de distancias de Jaccard, generada por el software SAS. Se seleccionaron 8 “primers” polimórficos, a partir de los cuales se obtuvieron 37 bandas polimórficas, 10 de las cuales tuvieron aporte significativo a la formación de 6 grupos de entradas; constituidos por 17, 12, 6, 5, 4 y 3 individuos respectivamente. La bajos niveles de asociación existentes entre la caracterización morfológica y la molecular, se puede atribuir a la variabilidad de fenotipos existente dentro de las entradas evaluadas.

VIII. SUMMARY

The present study had purpose the morphologic and molecular characterization of 47 samples of highlander height maize, corresponding to 40 collects, 3 varieties, 3 populations and one pool.

The field phase was located in the “Sección Oriental” of the Experimental Station “Santa Catalina” located in the community of Amagüeña of the province from Pichincha to 2750 m of altitude, with a temperatura average of 14.4°C and annual rainfall of 1480 mm.

For the morphologic characterization was used a distance matrix among for a total of 44 qualitative and quantitative characters, the same one that was obtained by means of the statistical software SAS (Statistical Analysis System) version 6.12, and in which the algorithm multivariate of the hierarchical association of Ward (1963) was based. The distances existent among the groups were analyzed for the characters of more discriminate power “D”. By means of the application of this methodology, was possible to determinate the existence of three groups constituted respectively by 28, 11 and 8 samples.

The qualitative characters with more discriminate power were in that order: quantity of foliage, size of the apike, grain type, color of the shaft and for of the highest ear of corn; while the only quantitative character that contribution for the among differentiation among groups was the ear height, settling down the qualitative characters were more decisive in the association.

The molecular characterization took place in the Laboratory of Molecular Biology of the Recourses Fitogenetic National Departament (DENAREF) and it was made based on RAPD markers and by means of a matrix distance matrix of Jaccard, generated by the software SAS. Eight polymorph primers was selected starting from which 37 polimorphic bands was obtained, 10 of those which had significant contribution to the formation of 6 groups of entrances; constituted by 17, 12, 6, 5.4 and 3 individuals respectively. Was possible to see a low association between the morphological and molecular characterization, the same is attributed to the variability inside the evaluated samples.