

RESUMEN

Autor	Quispe Velásquez, J.L.
Autor corporativo	Universidad Nacional Agraria La Molina, Lima (Peru). Escuela de Posgrado, Maestría en Ecología Aplicada
Título	Desarrollo de una línea base molecular para la evaluación del flujo génico entre maíz amarillo duro (Zea mays L. var. indurata) y el amiláceo (Zea mays L. var. amylacea)
Impreso	Lima : UNALM, 2015

Copias

Ubicación	Código	Estado
Sala Tesis	F30. Q6 - T	USO EN SALA
Descripción	169 p. : 26 fig., 35 tablas, 37 ref. Incluye CD ROM	
Tesis	Tesis (Mag Sc)	
Bibliografía	Posgrado : Ecología Aplicada	
Sumario	Sumarios (En, Es)	
Materia	ZEA MAYS VAR. AMYLACEA ZEA MAYS VAR. INDURATA LINEA BASE MOLECULAR MAIZ AMARILLO DURO PERU ZEA MAYS VARIEDADES INDIGENAS MAIZ DURO MAIZ AMILACEO MICROSATELITES VARIACION GENETICA FLUJO GENETICO VARIEDADES DE ALTO RENDIMIENTO REDUCCION DE RIESGOS EVALUACION	
Nº estándar	PE2016000118 B / M EUV F30	

El maíz es una planta nativa de América, siendo el cultivo de mayor difusión en el continente. En el Perú se sembraba una gran cantidad de razas a la llegada de los españoles, predominantemente amiláceas, considerándose los Andes como el mayor centro de diversidad de maíz. Sin embargo, cada vez cobra más importancia la producción de maíz amarillo duro proveniente de programas de mejoramiento. El incremento en el área destinada al maíz introducido y la posibilidad de una introducción a futuro de maíz transgénico, hace de suma importancia conocer el estado actual de las razas de maíz nativo, si existe flujo génico, y las condiciones bajo las cuales podría ocurrir. El presente trabajo busca establecer las bases para detectar el flujo génico que se pueda dar a futuro y los riesgos que implicaría. Se utilizaron diez iniciadores microsatélites para hacer el análisis molecular de seis poblaciones de maíz amiláceo contemporáneas, de las razas Alazán, Mochero y Chancayano. Luego, se analizó la diversidad genética y composición alélica de siete razas de maíz amiláceo conservadas en el banco de germoplasma del Programa de Maíz de la Universidad Nacional Agraria La Molina, incluyendo poblaciones de Alazán, Mochero y Chancayano. De esta manera, se pudo comparar el reservorio genético actual de las razas criollas con el presente en el banco de germoplasma, analizando la evolución de las poblaciones. También se analizaron tres híbridos de maíz amarillo duro comerciales de la empresa Pioneer; y cuatro híbridos y un sintético de maíz amarillo duro desarrollados por el Instituto Nacional de Innovación Agraria. Comparando molecularmente las muestras de maíces amiláceos y amarillo duros, existen diferencias significativas entre ambos grupos, siendo estas mucho mayores que entre razas de maíz del mismo tipo. No existen indicios de pérdida de diversidad genética en general para las razas alazán, mochero y chancayano, al comparar las poblaciones contemporáneas con las colectas antiguas del banco de germoplasma del Programa de Maíz de la Universidad Nacional Agraria La Molina. Sin embargo, la composición alélica de las poblaciones modernas difiere significativamente de las presentes en las colectas del banco de germoplasma.

Abstract

Maize is a plant native to America, being the most widespread crop in the continent. In Peru, a great number of races, predominantly starchy, were raised before to the arrival of the Spaniards, the Andes being considered as a major center of diversity for maize. However, the production of yellow maize from breeding programs is gaining in importance. The increase in the area devoted to introduced maize and the possibility of a future introduction of GM maize makes extremely important to know the current status of the native races of maize, if there is gene flow, and the conditions under which it could occur. This thesis seeks to

establish the basis for detecting gene flow that could happen in the future and the risks it would involve. Ten microsatellite primers were used for the molecular analysis of six contemporary populations of starchy maize, from Alazán, Mochero and Chancayano races. After that, genetic diversity and allelic composition of seven starchy maize samples preserved in the genebank of the Maize Program of the Universidad Nacional Agraria La Molina were analyzed, including populations of Alazán, Mochero and Chancayano. Thus, it was possible to compare the current gene pool of landraces with the one present in the genebank, following the evolution of populations. Three commercial hybrid yellow corn, and four yellow corn hybrids and a synthetic cultivar developed by the agricultural innovation government agency (Instituto Nacional de Innovación Agraria) were also evaluated. Comparing the samples of the starchy maize to the yellow hybrids, there were significant differences between the two groups, these being much higher than among races of maize of the same type. There is no evidence of loss of genetic diversity in general for the Alazán, Chancayano and Mochero races, comparing contemporary populations with older genebank collections from the Maize Program of the Universidad Nacional Agraria La Molina. However, the allelic composition of current populations differ significantly from those present in the genebank collections.