



Diversidad genética en una población de maíz criollo (*Zea mays* L.) evaluados mediante marcadores microsatélites en Tierralta, Córdoba-Colombia

Genetic diversity in a population of creole maize (*Zea mays* L.) evaluated using microsatellite markers in Tierralta, Córdoba-Colombia

Enrique Pardo Pérez¹, Melisa Jiménez Ramírez¹, Teodora Cavadía Martínez¹

¹ Universidad de Córdoba, Facultad de Ciencias Básicas, Departamento de Biología. Montería, Colombia.

Resumen

El objetivo del trabajo fue determinar la diversidad genética una población de maíz criollo (*Zea mays* L.) en Tierralta Córdoba–Colombia usando marcadores microsatélites. Se tomaron muestras de 30 accesiones de *Z. mays*, las cuales fueron deshidratadas con sílica gel. La extracción de ADN fue realizada con el kit de extracción Wizard® Genomic DNA Purification (PROMEGA). El estudio de la diversidad se realizó utilizando 12 marcadores microsatélites. Los productos de PCR se separaron mediante electroforesis en geles de poliacrilamida al 8%, revelados mediante tinción con nitrato de plata. Todos los microsatélites mostraron un alto grado de polimorfismo. Se detectaron entre 2 y 12 alelos, con un promedio de 5.83 y un total de 70 alelos. El número efectivo de alelos promedio fue de 3.5. Los valores del PIC oscilaron entre 0.33 y 0.88 para los marcadores *Phi059* y *Bnlg1740* respectivamente. Las pruebas para el equilibrio Hardy Weinberg indicó que la población estaba en desequilibrio ($p < 0.05$). El promedio de la heterocigosidad esperada fue de 0.65, siendo este un indicador de alta variabilidad. La población de maíz criollo presentó una alta diversidad genética. Los marcadores microsatélites fueron muy informativos y pueden ser utilizados para posteriores estudios de diversidad genética en esta especie.

Palabras clave: *Zea mays*, diversidad genética, microsatélites, heterocigosidad, variabilidad

Abstract

The aims of this work was to determine the genetic diversity of a population of Creole maize (*Zea mays* L.) in Tierralta Córdoba-Colombia using microsatellite markers. Samples were taken from 30 accessions of *Z. mays*, which were dehydrated with silica gel. DNA extraction was performed with the Wizard® Genomic DNA Purification extraction kit (PROMEGA). The study of diversity was carried out using 12 microsatellite markers. The PCR products obtained were separated by electrophoresis in 8% polyacrylamide gels, revealed by staining with silver nitrate. All the microsatellites showed a high degree of polymorphism. Between 2 and 12 alleles were detected, with an average of 5.83 and a total of 70 alleles. The effective number of average alleles was 3.5. The PIC values ranged between 0.33 and 0.88 for the markers

Phi059 and *Bnlg1740* respectively. Testing for Hardy–Weinberg equilibrium indicated that the population was imbalanced ($p < 0.05$). The average of the expected heterozygosity was 0.65, being an indicator of high variability. The population of Creole corn presented a high genetic diversity. The microsatellite markers were very informative and can be used for further studies of genetic diversity in this species.

Key words: *Zea mays*, genetic diversity, microsatellites, heterozygosity, variability

Introducción

El maíz fue de las primeras plantas cultivadas a nivel mundial desde hace 7000 a 10000 años, pues se encontraron unas pequeñas mazorcas de maíz dentro de cavernas de poblaciones primitivas en lugares arqueológicos de México¹.

La variación y la evolución del maíz a través del tiempo, se ha dado como un proceso evolutivo incesante, que incluye la selección voluntaria e involuntaria del hombre, la variación climática y geográfica y el flujo génico, lo cual ha conllevado a la adaptación del maíz a diversos sistemas de producción que se realizan en las diversas condiciones que ofrece el medio ambiente, adaptándose a condiciones heterogéneas².

Se han reconocido para Colombia un total de 23 razas³, clasificadas en tres categorías: la primera comprende incluye las llamadas Razas Primitivas con características como plantas bajas y relativamente precoces, mazorcas pequeñas y granos translúcidos y diminutos. La segunda fue denominada como Probablemente Introducidas, corresponden al germoplasma introducido desde otros países como: Venezuela, Brasil, Ecuador, Perú, Norteamérica y Centroamérica y la tercera corresponde a las llamadas Híbridas Colombianas, resultantes de procesos de hibridación sobre todo entre las Probablemente Introducidas.

En Colombia, el cultivo de maíz cuenta con unas 504.569 hectáreas cultivadas y una producción de 1.600.000 toneladas, siendo el Caribe la zona con más hectáreas cultivadas 133.791 hectáreas, seguida por el Valle del Magdalena con 115.000 hectáreas⁴. De acuerdo a su producción y valor agrícola, es uno de los principales cereales del mundo⁵ de gran importancia a nivel mundial como fuente de materia prima para la elaboración de productos alimenticios, farmacéuticos e industriales⁶.

Los cultivos de maíz criollo en el departamento de Córdoba, se exponen a un peligro de erosión genética debido a las altas probabilidades de contaminación con transgenes provenientes de maíces genéticamente modificados, teniendo en cuenta que la región Caribe ha sido considerada un lugar de consolidación para la implantación de este tipo de tecnología⁷. Es por eso que el conocimiento y la caracterización de la diversidad de las variedades de maíz generan información valiosa que permite identificar usos novedosos, todas estas acciones proporcionan el

conocimiento científico que requiere el impulso estratégico de la siembra de maíces criollo, lo que puede contribuir notablemente a su conservación *in situ*⁸.

La variabilidad genética de maíz constituye una riqueza para la población mundial, y puede ser la base para lograr la soberanía alimentaria en especial ante los cambios climáticos⁹. De tal forma que, las variedades criollas tienen transcendencia en la agricultura dado que contienen una enorme diversidad genética y también son relevante para las formas sustentable de agricultura, que mantienen los niveles de rendimiento de las cosechas¹⁰.

Los marcadores moleculares tipo microsatélites son una poderosa herramienta eficaz de discriminación de genotipos¹¹ que presentan múltiples ventajas como: codominancia, multiallelismo y alta heterocigosidad; además requieren una cantidad mínima de ADN para su estudio y realizan una discriminación precisa entre individuos altamente emparentados gracias a su alto nivel polimórfico¹². Estos marcadores se han usado extensamente para la caracterización de la diversidad genética y en la descripción de estructura genética de poblaciones, por tener alta confiabilidad, reproducibilidad y automatización¹³.

El análisis de la diversidad genética de la especie *Z. mays* mediante marcadores microsatélites, proporciona conocimientos sobre los recursos genéticos de la especie para el diseño de estrategias con fines de caracterización, producción y conservación¹⁴.

El conocimiento que se tiene sobre diversidad genética en maíz criollo en Colombia, utilizando marcadores microsatélites es escaso, destacándose los trabajos de¹⁵ quienes caracterizaron molecular bioquímicamente, cultivares colombianos y germoplasma elite de maíz, Jiménez¹⁶ realizó una caracterización de razas criollas por medio de marcadores moleculares SSR y Peña¹⁷ determinó variables morfométricas y análisis molecular para la identificación de razas colombianas de Maíz (*Zea mays* L); a nivel de Córdoba se desconoce la diversidad genética del maíz criollo. Esta situación afecta al sector agrario y a la comunidad científica ante la posibilidad de presentar información que permita seleccionar cultivares de mayor productividad.

Por lo anterior, este estudio tiene como objetivo evaluar la diversidad genética presente en 30 accesiones de una población de maíz criollo (*Zea mays*) proveniente de Tierralta (Córdoba), empleando 12 marcadores microsatélites, para ampliar el conocimiento sobre diversidad genética y contribuir a la conservación y producción de esta especie.

MATERIALES Y MÉTODOS

Área de estudio. La procedencia del material vegetal fue colectada en el municipio de Tierralta (8°10'34" N, 76°03'46" W) en el departamento de Córdoba, Colombia.

Recolección de la muestra. Se tomaron muestras de 30 accesiones de maíz en Tierralta, se depositaron en bolsas ziplock, donde se le agregó gel de silica para su deshidratación; se rotularon y se transportaron al Laboratorio de Genética de la Universidad de Córdoba, para el análisis correspondiente.

Extracción de ADN genómico. Se colocaron fragmentos de tejido foliar seco en una cápsula de porcelana con nitrógeno líquido, se maceraron cada una de las muestras hasta obtener un polvo muy fino y se conservaron a -20°C hasta su posterior utilización. La extracción del ADN genómico, se llevó a partir de 75 mg del material macerado, empleando el kit de extracción y purificación de Wizard® Genomic DNA Purification (PROMEGA).

Cuantificación del ADN. Con el fin de evaluar la calidad y estimar la cantidad del ADN obtenido en la extracción, se realizó un gel de agarosa al 1% en una cámara de electroforesis horizontal (Multi Sub Choice Trio) y se corrió a 100w durante 40 min. Se sembraron 5 μl de ADN de cada muestra y 5 μl de marcador de peso molecular con rango 100- 10000 pb, GeneRuler 100 pb Plus DNA Ladder (Thermo Scientific). Se estimó la concentración del ADN extraído comparando las bandas del marcador de peso molecular.

Reacción en cadena de la polimerasa (PCR) y análisis de fragmentos. Los marcadores microsatélites (Tabla 1) se amplificaron mediante la técnica de PCR. La mezcla de la reacción tuvo un volumen final de 25 μl , que incluyó 0.2 μM de dNTPs, 1.5 X de Buffer, 1.5 μM de MgCl_2 , 0.5 μM de cada uno de los cebadores (Forward y reverse) ,0.05 U/ μl de enzima Taq polimerasa, 3.33 ng/ μl de ADN genómico y agua estéril para alcanzar el volumen final.

La reacción de PCR se realizó en un termociclador Bio-Rad T100™ mediante la técnica PCR *Tochdown*, que consistió de una fase de desnaturalización inicial de 95°C durante 3 min, 12 ciclos de: 30 s de desnaturalización a 95°C , 30 s de temperatura de anillamiento de 62°C - 57°C reduciendo 1°C cada 2 ciclos y una extensión a 72°C por 1 min; 23 ciclos con 30 s de desnaturalización a 95°C , 56°C de anillamiento por 30 s y extensión a 72°C por 1 min; y una extensión final de 5 min a 72°C .

Los productos de PCR se separaron mediante electroforesis vertical en gel de poliacrilamida al 10% (acrilamida: bisacrilamida, 29:1) desnaturalizado (6 mol L-1 de urea), en una cámara Mini-Protean II Biorad® (Applied Biosystems, Foster City, EUA.) (Tsang et al., 1986). Las bandas se visualizaron por tinción con nitrato de plata (Qiu et al., 2012), utilizando DNA ladder, donde el rango del marcador de peso molecular utilizado osciló entre 50 y 500 bp. Los geles fueron fotografiados con una cámara CANON ELPH180 IS y la determinación del tamaño alélico se efectuó mediante el programa ImageJ¹⁸ donde por pixelaje de las bandas amplificadas, se determinaron los tamaños alélicos utilizando el software Past 3.14¹⁹.

Análisis estadístico. Con la información obtenida a partir de los geles y utilizando el software GENALEX 6.5²⁰ se calculó: número de alelos, número efectivo de alelos (N_a), frecuencias alélicas, valores de heterocigosidad observada y esperada (H_o y H_e), índice de fijación (F) y equilibrio de Hardy-Weinberg ($H-W$). El PIC (contenido de información polimórfica) de cada microsatélite se determinó mediante el programa CERVUS v. 3.0²¹.

Resultados

Los 12 marcadores microsatélites analizados presentaron un total de 70 alelos, con un número promedio de 5.83, el número de alelos obtenidos osciló entre 2 (*Phi059*) y 12 (*Bnlg1740*) por locus. (Tabla 1).

Para la heterocigosidad observada (H_o), los resultados obtenidos fluctuaron entre 0.172 y 0.466 correspondientes a *Bnlg1520* y *Phi056*, respectivamente, con un promedio de 0.280. Los valores de heterocigosidad esperada (H_e), oscilaron entre 0.420 (*Phi059*) y 0.897 (*Bnlg1740*), con un promedio de 0.655 (Tabla 2). El promedio del número efectivo de alelos fue 3.5, el marcador con el mayor número efectivo de alelos fue *Bnlg1740* con 9.73 y el microsatélite que presentó el menor número efectivo de alelos fue *Phi059* con 1.7 (Tabla 2).

El contenido de información polimórfica (PIC) para la población varió entre 0.33 (*Phi059*) y 0.88 (*Bnlg1740*), correspondiendo estos valores con los marcadores que presentaron el menor y el mayor número de alelos. El número promedio del (PIC) fue de 0.608 (Tabla 2). En este estudio, 9 marcadores pueden ser considerados muy informativos ($PIC > 0.5$) y 3 medianamente informativo ($PIC > 0.25$). La población mostró ausencia del equilibrio de Hardy-Weinberg ($p < 0.05$) (Tabla 2).

El valor promedio del índice de fijación (F) fue de 0.556, con valores que oscilaron entre 0.169 para el marcador *Phi056* y de 0.936 para el locus *Phi031*, revelando un exceso de homocigotos de los individuos con respecto a la población total. (Tabla 2).

Discusión

Todos los microsatélites utilizados mostraron un alto grado de polimorfismo, evidenciado en el promedio de alelos por locus. El valor medio de alelos en el presente estudio, resultó mayor a los datos reportados por^{22,23,16} quienes registraron un promedio de 2.8, 3.7 y 4.2 alelos por locus respectivamente y menor al obtenido por²⁴ con una media de 9.1 por locus y similar al obtenido por²⁵ quien reportó un valor promedio de 5.8 alelos.

De acuerdo a²⁶, de los 12 marcadores utilizados, 9 marcadores pueden ser considerados muy informativos ($PIC > 0.5$) para analizar la variabilidad genética de la población de maíz en Tierralta, Córdoba y 3 medianamente informativo ($PIC > 0.25$), siendo el locus *Bnlg1740* de mayor valor ($P = 0.888$) y *Phi059* ($P = 0.332$) el de menor valor; estos resultados demuestran que los marcadores microsatélites son apropiados

para la evaluación de la diversidad genética de la especie²⁷. El PIC promedio obtenido en el presente estudio, resultó mayor al reportado por^{22,28-31} 0.42, 0.58, 0.56, 0.50 y 0.41, menor al reportado por^{32,15} 0.82 y 0.70 y similar al reportado por^{33,34} quienes reportaron un valor promedio de 0.60.

Nueve *loci* mostraron una desviación significativa con respecto al equilibrio de Hardy-Weinberg, revelando un exceso de homocigotos. Esto podría deberse a eventos de endogamia³⁵, la cual ocasiona pérdida de vigor en la descendencia conocida como depresión de endocria³⁶. De igual manera la ausencia de equilibrio de Hardy-Weinberg puede ocurrir por efecto fundador (establecimiento de una población nueva a partir de unos pocos reproductores) o la existencia de una posible estructura génica por subdivisión (Efecto Wahlund).

El número de alelos efectivos (N_a) para la población de maíz criollo estudiada osciló entre 1.72 y 9.73, con un promedio de 3.5, este resultado ($N_a = 3.5$) fue mayor a lo reportado por³⁷ $N_a = 2.4$ y menor a lo obtenido por³⁸ $N_a = 4.8$.

Los valores encontrados para la heterocigosidad esperada ($H_e = 0.655$), revelaron alta variabilidad genética, puesto que así se considera cuando la misma supera un valor de 0.5³⁹. Este valor es similar al reportado por⁴⁰ $H_e = 0.65$ y mayor a los obtenidos por^{17,41-43} 0.567, 0.523, 0.27), 0.225.

El porcentaje de individuos heterocigotos se comportó por debajo del 50% para la heterocigosidad media observada ($H_o = 0.280$), posiblemente por apareamiento consanguíneos⁴⁴. Este valor es menor a lo reportado por^{16,28,40,45} 0.509, 0.458, 0.366, 0.341 y mayor a lo reportado por⁴⁶ 0.20.

En cuanto al índice de fijación, los valores encontrados fueron positivos revelando un déficit de heterocigotos, lo cual puede atribuirse a endogamia, cuellos de botella, selección y domesticación del material vegetal por el manejo inadecuado de las semillas por parte de los agricultores⁴¹. Estos eventos aumentan la probabilidad de la pérdida de alelos para la siguiente generación, lo que con lleva a la disminución progresiva de diversidad genética con el paso del tiempo⁴⁷.

Debido a que éste es el primer trabajo en el que se intenta determinar la diversidad genética poblacional de *Zea mays* en Tierralta, Colombia y al no encontrarse información previa para explorar la posibilidad de pérdida de diversidad genética en el tiempo; no se puede descartar la probabilidad de eventos endogámicos para esta población de la región del Caribe colombiano.

Conclusiones

Los microsatélites utilizados en la población de maíz (*Zea mays* L.) en Tierralta, Colombia fueron muy informativos, atendiendo al PIC, resultando ser apropiados para analizar la diversidad genética en la especie. Los niveles de heterocigosidad esperada

encontrados en el presente estudio, indican que los maíces criollos presentaron alta variabilidad genética.

El exceso de homocigotos presente en la población es ocasionado por endogamia, por tanto, se sugiere emprender acciones importantes dentro de programas de conservación para asegurar los recursos genéticos de maíces criollo, que contribuyan a la producción, selección y manejo de semilla para mantener las características valiosas de la especie.

Agradecimientos

El presente trabajo se realizó gracias al financiamiento de la Universidad de Córdoba (Proyecto N° FCB-01-16).

Referencias bibliográficas

1. Paliwal, R. L., Granados G., Lafitte H. R. *et al.* El Maíz en los Trópicos: Mejoramiento y producción. Italia, Roma: FAO. <http://www.fao.org/docrep/003/x7650s/x7650s00.htm#toc>, marzo de 2018.
2. Mera, L. M. Diversificación y distribución reciente del maíz en México. pp: 69-82. En: Kato Y., T. A., Mapes C. S., Mera L. M. *et al.* (eds.). Origen y Diversificación del Maíz: Una Revisión Analítica. Universidad Nacional Autónoma de México (UNAM), Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad (CONABIO). México, D. F. 2009.
3. Roberts, L.M., Grant U. J., Ramirez R. E., *et al.* Razas de maíz en Colombia. Ministerio de Agricultura de Colombia, Investigaciones especiales. Boletín Técnico No 2. Editorial Máxima, Bogotá, Colombia. P 159. 1957.
4. Fenalce. Expectativas de siembra para maíz y soya en 2022. http://www.fenalce.org/nueva/plantillas/arch_down_load/PMaizySoya2022.pdf enero de 2018
5. Gonzáles, M., Palacios N., Espinoza A. *et al.* Diversidad genética en maíces nativos mexicanos tropicales. Revista Fitotecnia Mexicana 2013;36(3):329-328
6. Morejón, M. Estrategias de Mercado para la Comercialización de maíz duro en el Cantón Ventanas, Provincia de los Ríos. 2010. Tesis de grado. Universidad Estatal de Bolívar. Guaranda- Ecuador.
7. Núñez, V. Estudio sobre flujo de genes en maíz en condiciones de la Costa Caribe Colombiana. 2011. En: LAC-biosafety, <http://www.lacbiosafety.org/470-2/>, consulta: enero de 2018.
8. Fernández, R., Morales L., Gálvez A. Importancia de los maíces nativos de México en la dieta nacional. Revista Fitotecnia Mexicana 2013;36(3): 275-283
9. Preciado, O., Montes S. Amplitud, mejoramiento, usos y riesgos de la diversidad genética de maíz en México. Revista Fitotecnia Mexicana 2011;34(4): 1-2
10. Altieri, M. A. 2003. Aspectos socioculturales de la diversidad del maíz nativo. Departamento de Ciencias, Políticas y Gestión del Medio Ambiente.

- Universidad de California, Berkeley. En: Agroecology in Action, <http://www.agroeco.org/doc/alt.contam-maiz.pdf>; consulta: enero de 2018.
11. Vázquez, A., Molina F., Farfán J. *et al.* Potencial de los marcadores moleculares para el rescate de individuos de *Theobroma cacao* L. de alta calidad. *Biotecnología*. 2012;16(1):36-56
 12. González, E. Microsatélites: sus aplicaciones en la conservación de la biodiversidad. *Graellsia*. 2003;59:377-388
 13. Bedoya, S., Mir C., Charcosset A. *et al.* Migración del Maíz a partir de su Centro de Origen, Evidencias Históricas, Genéticas y Paleobotánicas. *El Cultivo del Maíz, Temas Selectos*, 2010. Volumen 2. Ed. Mundi Prensa. 227 p.
 14. Gálvez, D., Salvador M., Becerra E., *et al.* Diversidad molecular y relaciones genéticas de Germoplasma de mango de Chiapas, México. *Agrociencia* 2010;44(8):907-915
 15. Peñaranda, M., Navas A. Caracterización molecular y evaluación bioquímica de cultivares colombianos y germoplasma elite de maíz según contenido de aceite. *Agronomía Colombiana* 2005;23(1):7-16
 16. Jiménez, R. Caracterización de las razas criollas e indígenas de maíz colombiano por medio de marcadores moleculares SSR. 2014. Tesis de Maestría. Universidad Nacional de Colombia. Bogotá, Colombia.
 17. Peña, R. Variables morfométricas y análisis molecular para la identificación de razas colombianas de Maíz (*Zea mays* L). 2017. Tesis de Maestría. Universidad Nacional de Colombia. Bogotá, Colombia
 18. Abràmoff, M. D., Magelhaes P. J., Ram S. J. Image Processing with ImageJ. *Biophotonics International*. 2004;11(7):36-42.
 19. Hammer, O., Harper D., Ryan P. Paleontological Statistics software package for education and data analysis. *Palaeontol Electronica*. 2010;4(1): 1-9
 20. Peakall, R.D., Smouse P. E. GENALEX 6.5: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research. *Bioinformatic* 2012;28(19): 2537–2539.
 21. Kalinowski, S. T., Taper M. L., Marshall T. C. Revising how the computer program CERVUS accommodates genotyping error increases success in paternity assignment. *Molecular Ecology* 2007;16(5):1099–106. <http://doi.org/10.1111/j.1365-294X.2007.03089.x>
 22. Fernandes, E., Schuster I., Scapim C., *et al.* Genetic diversity in elite inbred lines of maize and its association with heterosis. *Genetic Molecular Research* 2015;14(2): 6509-6517. <http://dx.doi.org/10.4238/2015.June.12.3>
 23. Terra, T., Wiethölter P., Almeida C., *et al.* Genetic variability in maize and teosinte populations estimated by microsatellites markers. *Ciencia Rural*. 2011;41(2): 205-211
 24. Kostova, A., Todorovska E., Christov N., *et al.* Assessing the genetic diversity of bulgarian maize germplasm using microsatellite markers. *Maydica*. 2006;52: 251-255

25. Lanes, E., Viana J., Paes G., *et al.* Population structure and genetic diversity of maize inbreds derived from tropical hybrids. *Genetic Molecular Research* 2014;13(3): 7365-7376. <https://doi.org/10.4238/2014.September.12.2>
26. Botstein, D., White R., Skolnick M. *et al.* Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms. *American Journal Human Genetic.* 1980;32:314-331
27. Van Inghelandt, D., Melchinger A., Lebreton C. *et al.* Population structure and genetic diversity in a commercial maize breeding program assessed with SSR and SNP markers. *Theoretical and Applied Genetics* 2010;120(7):1289-1299. <https://doi.org/10.1007/s00122-009-1256-2>
28. Silva, M. Caracterización molecular de las razas canguil, tusilla y mezclas de maíz del blanco de trabajo del programa del maíz del Iniap. 2014. Tesis de grado. Universidad de las Fuerzas Armadas ESPE. Sangolquí, Ecuador.
29. Adeyemo, O., Menkir A., Melaku G. *et al.* Genetic diversity assessment and relationship among tropical yellow endosperm maize inbred lines using SSR markers. *Maydica.* 2011;56:17-23.
30. Gurung, D., George M., De la Cruz Q. Analysis of genetic diversity within Nepalese maize populations using SSR markers. *Nepal Journal of Science and Technology* 2010;11:1-8. <http://dx.doi.org/10.3126/njst.v11i0.4082>
31. Gonzáles, L., Hernández A., Alezones J. Caracterización molecular de líneas tropicales de maíz (*Zea mays* L) y su relación con los patrones heteróticos. *Biagro.* 2009;21(3):165-172
32. Ignjatovic-Micic, D., Ristic D., Babic V. *et al.* A simple SSR analysis for genetic diversity estimation of maize landraces. *Genetika* 2015;.. 47(1): 53-62. <https://doi.org/10.2298/GENSR1501053I>
33. Sharma, L., Prasanna B., Ramesh B. Analysis of phenotypic and microsatellite-based diversity of maize landraces in India, especially from the North East Himalaya region. *Genetica* 2010;138:619-331. <https://doi.org/10.1007/s10709-010-9436-1>
34. Xia, X., Rief J., Melchinger A., *et al.* Genetic Diversity among CIMMYT Maize Inbred Lines Investigated with SSR Markers: II. Subtropical, Tropical Midaltitude, and Highland Maize Inbred Lines and their Relationships with Elite U.S. and European Maize. *Crop Science Society of America* 2005;45:2573–2582. <https://doi.org/10.2135/cropsci2005.0246>
35. Allendorf, F., Luikart G. *Conservation and the Genetics of Populations.* Blackwell Publishing, Malden, Massachusetts, USA. P. 663. 2007.
36. Falconer, D., Mackay T. F. C. *Introducción a la genética cuantitativa.* Editorial Acribia. Madrid, España. P. 500. 2001.
37. Nyaligwa, L., Hussein S., Amelewor B. *et al.* Genetic diversity analysis of elite maize inbred lines of diverse sources using SSR markers. *Maydica* 2015;60:1-8



38. Mora, F., Saavedra J., Silva T. *et al.* Bayesian analysis of the genetic structure of a Brazilian popcorn germplasm using data from simple sequence repeats (SSR). *Chilean Journal Agriculture Research* 2013;73(2):99-107. <http://dx.doi.org/10.4067/S0718-58392013000200003>
39. Nei, M. Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals. *Genetics* 1978;89:583-90
40. Garrido, A. Caracterización molecular de la colección germoplasma del INIAP mediante marcadores moleculares microsatélites. 2010. Tesis de grado. Universidad de las Fuerzas Armadas ESPE. Sangolquí, Ecuador.
41. Bracco, M., Lia V., Poggio L., *et al.* Caracterización genética de razas de maíz autóctonas de Misiones, Argentina. *Revista Ciencia y Tecnología* 2013;20: 52-60
42. Hortelano, R., Santacruz A., Muñoz A., *et al.* Variación isoenzimática en maíces nativos de la región Llanos de Serdán, Puebla. *Revista Mexicana de Ciencias Agrícolas* 2011;2(6): 885-899
43. López, R., Santacruz A., Muñoz A., *et al.* Perfil Isoenzimático de maíces nativos del Istmo de Tehuantepec, Oaxaca, México. I. Caracterización de grupos. *Revista Fitotecnia Mexicana* 2010;33(1):1-10.
44. Eguiarte, L., Souza V., Aguirre X. *Ecología Molecular*. Semarnat, CONABIO, UNAM. México. P. 608. 2007.
45. Bracco, M. Caracterización genética del germoplasma de razas de maíz autóctonas provenientes del noreste argentino. 2012. Tesis de Doctorado. Universidad de Buenos Aires. Buenos Aires, Argentina
46. Lopes, A., Scapim C., Pires da Silva M., *et al.* Genetic diversity assessed by microsatellite markers in sweet corn cultivars. *science agriculture* 2015;72(6):513-519. <http://dx.doi.org/10.1590/0103-9016-2014-0307>
47. Ellegren, H., Galtier N. Determinants of genetic diversity. *Nature Reviews Genetics* 2016;17:427-433. <http://dx.doi.org/10.1038/nrg.2016.58>.

Tabla 1. Características de los iniciadores microsatélites de *Zea mays L.* (12). secuencia de iniciadores. número de alelo y rango alélico (pb)

| Locus | Secuencia | Temperatura de anillamiento (°C) | Numero de alelos | Rango alélico (pb) |
|-----------------|---|----------------------------------|------------------|--------------------|
| <i>Umc1225</i> | F: CTAGCTCCGTGTGAGTGAGTGAGT R: TTCCTTCTTTCTTTCCCTGTGCAAC | 55 | 7 | 85-120 |
| <i>Umc1335</i> | F: ATGGCATGCATGTGTTTGTGTTTAC R: ACAGACGTCGCTAATTCCTGAAAG | 55 | 8 | 119-150 |
| <i>Umc1424</i> | F: CCGGCTGCAGGGGTAGTAGTAG R: ATGGTCAGGGGCTACGAGGAG | 56 | 7 | 126-138 |
| <i>Umc1165</i> | F: TATCTTCAGACCCAAACATCGTCC R: GTCGATTGATTTCCCGATGTTAAA | 56 | 6 | 155-181 |
| <i>Umc1403</i> | F: GTACAACGGAGGCATTCTCAAGTT R: TGTACATGGTGGTCTTGTTGAGGT | 55 | 6 | 120-162 |
| <i>Phi127</i> | F: ATATGCATTGCCTGGAAGTGGAAAGGA R: AATTCAAACACGCCTCCCGAGTGT | 56 | 6 | 97-130 |
| <i>Phi059</i> | F: AAGCTAATTAAGGCCGGTCATCCC R: TCCGTGTA CT CGGCGGACTC | 57 | 2 | 147-157 |
| <i>Bnlg1520</i> | F: TCCTCTTGCTCTCCATGTCC R: ACAGCTGCGTAGCTTCTTCC | 55 | 6 | 178-198 |
| <i>Bnlg1740</i> | F: TTTTCTCCTTGAGTTCGTTCG R: ACAGGCAGAGCTCTCACACA | 56 | 12 | 112-167 |
| <i>Phi115</i> | F: GCTCCGTGTTTCGCCTGAA R: ACCATCACCTGAATCCATCACA | 57 | 4 | 295-314 |
| <i>Phi031</i> | F: GCAACAGGTTACATGAGCTGACGA R: CCAGCGTGCTGTTCCAGTAGTT | 55 | 3 | 190-199 |
| <i>Phi056</i> | F: ACTTGCTTGCTGCCGTTAC R: CGCACACCACTTCCAGAA | 57 | 3 | 81-88 |
| Promedio | | - | 5.83333333 | - |

Tabla 2. Parámetros genéticos calculados en *Zea mays L.*

| <i>Locus</i> | Na | Ho | He | PIC | H-W | F |
|-----------------|-----------|-----------|-----------|------------|------------|----------|
| <i>Umc1225</i> | 5.096 | 0.3 | 0.803 | 0.779 | 0.000*** | 0.626 |
| <i>Umc1335</i> | 3.492 | 0.285 | 0.713 | 0.687 | 0.000*** | 0.599 |
| <i>Umc1424</i> | 3.822 | 0.233 | 0.738 | 0.7 | 0.000*** | 0.683 |
| <i>Umc1165</i> | 2.675 | 0.2 | 0.626 | 0.591 | 0.000*** | 0.680 |
| <i>Umc1403</i> | 2.853 | 0.266 | 0.649 | 0.591 | 0.000*** | 0.589 |
| <i>Phi127</i> | 2.209 | 0.333 | 0.547 | 0.519 | 0.009** | 0.390 |
| <i>Phi059</i> | 1.724 | 0.333 | 0.420 | 0.332 | 0.258'ns | 0.206 |
| <i>Bnlg1520</i> | 2.941 | 0.172 | 0.659 | 0.618 | 0.000*** | 0.738 |
| <i>Bnlg1740</i> | 9.730 | 0.366 | 0.897 | 0.888 | 0.000*** | 0.591 |
| <i>Phi115</i> | 3.204 | 0.370 | 0.687 | 0.631 | 0.001** | 0.461 |
| <i>Phi031</i> | 2.302 | 0.035 | 0.565 | 0.492 | 0.000*** | 0.936 |
| <i>Phi056</i> | 2.281 | 0.466 | 0.561 | 0.472 | 0.211'ns | 0.169 |
| Promedio | 3.527 | 0.280 | 0.655 | 0.6084 | - | 0.556 |

Na: Numero efectivo de alelo. **Ho:** Heterocigosidad observada. **He:** Heterocigosidad esperada

PIC: Contenido de información polimórfica. **HW:** Equilibrio de Hardy Weinberg

* P<0.05. ** P<0.01. *** P<0.001. **F:** índice de fijación

*Para citar este artículo: Pardo Pérez E.; Jiménez Ramírez M.; Cavadía Martínez T. Genetic diversity in a population of creole maize (*Zea mays L.*) evaluated using microsatellite markers in Tierralta, Córdoba-Colombia.Revista Bistua.2017.15(2):96-107

+ Autor para el envío de correspondencia y la solicitud de las separatas: Pardo Pérez E. Universidad de Córdoba, Facultad de Ciencias Básicas, Departamento de Biología. Montería, Colombia email: epardop@correo.unicordoba.edu.co

Recibido: Noviembre 08 de 2016

Aceptado: Febrero 12 de 2017