

VARIACIÓN ISOENZIMÁTICA EN POBLACIONES DE TEOCINTLE

ISOZIMATIC VARIATION OF TEOSINTE POPULATIONS

Gabriel Rincón Enríquez^{1*}, Porfirio Ramírez Vallejo¹, José de Jesús Sánchez González² y T. Ángel Kato Yamakake¹

¹ Programa en Genética, Instituto de Recursos Genéticos y Productividad, Colegio de Postgraduados. Km. 36.5 Carr. México-Texcoco. Montecillo, Texcoco, Edo. de México. C.P. 56230. Tel. 01 (595) 952-0200 Ext. 1590. Correo electrónico: grincone@yahoo.com ² Centro Universitario de Ciencias Biológicas y Agropecuarias (CUCBA), Universidad de Guadalajara. Km. 15.5 Carr. Guadalajara-Nogales, Predio Las Agujas, Nextipac. C.P. 45110. Zapopan, Jalisco

* Autor para correspondencia

RESUMEN

Para estimar el grado de variación genética del teocintle (*Zea mays* ssp.), se analizaron 27 loci isoenzimáticos codificados por 17 sistemas enzimáticos, en geles de almidón, en 46 a 50 individuos de cada una de seis poblaciones. La variación genética se estimó con base en el número promedio de alelos por locus (NPAL), porcentaje de polimorfismo (P), heterocigocidad observada y esperada (H_o y H_e), índice relativo de heterocigotes (IRH) e índice de Shannon (IS). Los resultados mostraron que para NPAL y P el promedio para las seis poblaciones fue de 2.24 y 62 %, respectivamente. El análisis de H_o y H_e reveló que la variación genética en las poblaciones de teocintle fue alta, con valores promedio de 0.13 y 0.19, respectivamente. El IRH reveló una deficiencia de individuos heterocigotos (promedio de -0.33). El IS mostró gran diversidad en las seis poblaciones (0.35). Las poblaciones con mayor variación genética fueron las pertenecientes a *Zea mays* ssp. *mexicana*, seguidas por aquéllas de *Z. m. ssp. parviglumis* y *Z. diploperennis*.

Palabras clave: *Zea mays* ssp. *mexicana*, *Z. m. ssp. parviglumis*, *Z. diploperennis*, isoenzimas, diversidad genética, polimorfismo, frecuencias alélicas.

SUMMARY

The degree of genetic variation in teosinte (*Zea mays* ssp.), was analyzed with starch gels in 27 isozymic loci, codified by 17 enzymatic systems, in 46 to 50 individuals from each of six populations. The genetic variation was estimated based on the average number of alleles per locus (NPAL), polymorphism percentage (P), observed and expected heterozygosity (H_o and H_e), heterozygote relative index (IRH) and Shannon index (IS). For NPAL and P, the average for the six populations was 2.24 and 62 %, respectively. The analysis of H_o and H_e revealed that the genetic variation in the teosinte populations was high, with average values of 0.13 and 0.19, respectively. The IRH revealed a deficiency of heterozygote genotypes (average of -0.33). The IS showed great diversity in the six populations (0.35). The populations with greatest genetic variation belonged to *Zea mays* ssp. *mexicana*, followed by those of *Z. m. ssp. parviglumis* and *Z. diploperennis*.

Index words: *Zea mays* ssp. *mexicana*, *Z. m. ssp. parviglumis*, *Z. diploperennis*, isozymes, genetic diversity, polymorphism, allele frequencies.