

RESUMEN

Debido a sus características nutritivas, el trigo es el segundo producto agrícola de mayor consumo en el Ecuador. En la actualidad el cultivo local se ve afectado por dos enfermedades como son la roya amarilla y fusariosis de la espiga, razón por la cual instituciones como INIAP desarrollan programas de mejoramiento, para los cuales es necesario contar con información genotípica para mantener e incrementar el acervo genético de las variedades disponibles. El objetivo de la presente investigación fue caracterizar molecularmente 297 muestras de una colección de líneas avanzadas de trigo de primavera originadas en el (CIMMYT), utilizando inicialmente 84 marcadores microsatélites marcados con fluorescencia mediante la técnica M13-Tailing para inferir su estructura poblacional. Primero, se extrajo el ADN de las muestras, luego se las validó utilizando PCR, posteriormente, se validó el polimorfismo de los *primers*. Finalmente, las muestras fueron amplificadas con los SSRs seleccionados mediante PCR y después se genotiparon en el analizador de ADN LI-COR 4300s. El análisis de estructura poblacional incorporó 28 marcadores SSR y 45 SNP distribuidos en todo el genoma. El análisis estadístico se realizó utilizando el programa *Structure* ver. 2.3.4. Para determinar el número de subpoblaciones, se utilizó la técnica de Evanno, adicionalmente, se analizó los Componentes Principales con el programa *Eigensoft* ver. 4.2 se. Los resultados revelaron la existencia de tres subpoblaciones y una gran diversidad alélica en la colección de líneas élite de trigo, presentando en promedio de 4,46 alelos/*locus*.

Palabras claves: Caracterización molecular, genotipaje, microsatélites, estructura poblacional.