

## **Resumen**

La provincia de Loja lidera el ranking nacional de rendimiento con un valor promedio de 8.96 t/ha por lo que es de importancia identificar las variedades cultivadas en este sector. Este estudio tiene como objetivo la caracterización molecular de variedades de arroz cultivadas en los cantones de Zapotillo y Macará de la provincia de Loja, utilizando marcadores microsatélites (SSRs) para lo cual se utilizó 20 variedades provenientes del programa de arroz de INIAP como referenciales y 61 materiales recolectados en la zona de estudio.

Se estableció un panel de 17 marcadores con un total de 75 alelos y un promedio de 4 alelos/locus que permiten identificar las variedades de arroz provenientes del programa de arroz y de campo. Se realizó un análisis de diversidad genética en el que se encontró que existe variabilidad entre las variedades estudiadas pese a la naturaleza endogámica del arroz de acuerdo a los valores PIC promedio, el análisis molecular de varianza y los valores obtenidos de los estadísticos F de Wright FIS, FIT y FST; el análisis de estructura genética dividió a los individuos en estudio en dos poblaciones, se obtuvieron 127 genotipos multilocus de los 226 totales.

Por último, se identificaron genotipos duplicados en donde el 18.90% corresponden a la variedad FED-60 y es probable que el 0.79% correspondan a la variedad SFL-09 debido a que comparten 26 de los 34 alelos analizados, se encontraron también 8 agrupaciones y no se logró identificar 53 de los 127 genotipos multilocus.

### **Palabras Clave**

- **ARROZ**
- **DIVERSIDAD GENÉTICA**
- **GENOTIPAJE**

## **Abstract**

The province of Loja leads the national yield ranking with an average value of 8.96 t / ha, so it is important to identify the varieties grown in this sector. The objective of this study is the molecular characterization of rice varieties grown in the cantons of Zapotillo and Macará in Loja's province, using microsatellite markers (SSRs) for which 20 varieties from the INIAP rice program were used as references and 61 materials collected in the study area.

A panel of 17 markers was established with a total of 75 alleles and an average of 4 alleles / locus that allow identifying the rice varieties from field and the rice program. A genetic diversity analysis was carried out in which it was found that there is variability between the studied varieties despite the inbred nature of the rice according to the average PIC values, the molecular analysis of variance and the values obtained from the Wright FIS F statistics. , FIT and FST; The genetic structure analysis divided the study individuals into two populations, 127 multilocus genotypes were obtained out of the 226 total.

Finally, duplicate genotypes were identified where 18.90% correspond to the FED-60 variety and it is probable that 0.79% correspond to the SFL-09 variety because they share 26 of the 34 analyzed alleles, 8 clusters were also found and 53 of the 127 multilocus genotypes could not be identified.

### **Key Words**

- **RICE**
- **GENETIC DIVERSITY**
- **GENOTYPING**