



**ESPE**  
**UNIVERSIDAD DE LAS FUERZAS ARMADAS**  
**INNOVACIÓN PARA LA EXCELENCIA**

**Análisis del estado actual del mejoramiento genético en plantas mediante  
marcadores moleculares en el Ecuador**

Meza Delgado, Giuliette Bebell

Departamento de Ciencias de la Vida y de la Agricultura

Carrera de Ingeniería en Biotecnología

Trabajo de titulación, previo a la obtención del título de Ingeniera en  
Biotecnología

Dra. Proaño Tuma, Karina Isabel Ph.D.

Agosto de 2021

## Informe de originalidad

---

NOMBRE DEL CURSO

TESISTAS

NOMBRE DEL ALUMNO

GIULIETTE BEBELL MEZA DELGADO

NOMBRE DEL ARCHIVO

GIULIETTE BEBELL MEZA DELGADO - Trabajo de titulación Giuliette Meza

SE HA CREADO EL INFORME

12 ene 2022

---

### Resumen

Fragmentos marcados	1	0,2 %
Fragmentos citados o entrecuillados	0	0 %

### Coincidencias de la Web

sld.cu	1	0,2 %
--------	---	-------

---

1 fragmento

Fragmento del alumno MARCADO

...el componente investigativo. No fue hasta la década de **los ochenta**, cuando **se creó el Consejo Nacional de Universidades y Escuelas Politécnicas**, que **se destinó un porcentaje del presupuesto**

### Mejor coincidencia en la Web

En **los años ochenta se creó el Consejo Nacional de Universidades y Escuelas Politécnicas**, se generó una concepción más popular de tales instituciones, y **se estableció un porcentaje especial (1 %)**...

una función universitaria a considerar en el contexto ecuatoriano [http://scielo.sld.cu/scielo.php?script=sci\\_arttext&pid=S2077-28742018000400011](http://scielo.sld.cu/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S2077-28742018000400011)

---



Firmado electrónicamente por:  
**KARINA**  
**ISABEL**



DEPARTAMENTO DE CIENCIAS DE LA VIDA Y DE LA AGRICULTURA

CARRERA DE INGENIERÍA EN BIOTECNOLOGÍA

CERTIFICACIÓN

Certifico que el trabajo de titulación, “**Análisis del estado actual del mejoramiento genético en plantas mediante marcadores moleculares en el Ecuador**” fue realizado por la señorita **Meza Delgado, Giuliette Bebell** el cual ha sido revisado y analizado en su totalidad, por la herramienta de verificación de similitud de contenido; por lo tanto cumple con los requisitos legales, teóricos, científicos, técnicos y metodológicos establecidos por la Universidad de las Fuerzas Armadas ESPE, razón por la cual me permito acreditar y autorizar para que lo sustente públicamente.

Sangolquí, 25 de agosto del 2021

Firma:



Firmado electrónicamente por:  
KARINA  
ISABEL

---

**Dra. Karina Proaño Tuma, Ph.D.**

C.C. 1707245104



DEPARTAMENTO DE CIENCIAS DE LA VIDA Y DE LA AGRICULTURA

CARRERA DE INGENIERÍA EN BIOTECNOLOGÍA

**RESPONSABILIDAD DE AUTORÍA**

Yo, **Meza Delgado, Giuliette Bebell** con cédula de ciudadanía n° 0802906495, declaro que el contenido, ideas y criterios del trabajo de titulación: **"Análisis del estado actual del mejoramiento genético en plantas mediante marcadores moleculares en el Ecuador"** es de mi autoría y responsabilidad, cumpliendo con los requisitos legales, teóricos, científicos, técnicos, metodológicos establecidos por la Universidad de las Fuerzas Armadas ESPE, respetando los derechos intelectuales de terceros y referenciando las citas bibliográficas.

Sangolquí, 25 de agosto del 2021

Firma:

**Meza Delgado Giuliette Bebell**

C.C. 0802906495



DEPARTAMENTO DE CIENCIAS DE LA VIDA Y DE LA AGRICULTURA

CARRERA DE INGENIERÍA EN BIOTECNOLOGÍA

**AUTORIZACIÓN DE PUBLICACIÓN**

Yo, **Meza Delgado, Giuliette Bebell** con cédula de ciudadanía n° 0802906495, autorizo a la Universidad de las Fuerzas Armadas ESPE publicar el trabajo de titulación: **"Análisis del estado actual del mejoramiento genético en plantas mediante marcadores moleculares en el Ecuador"** en el Repositorio Institucional, cuyo contenido, ideas y criterios es de mi responsabilidad.

Sangolquí, 25 de agosto del 2021

Firma:

---

**Meza Delgado, Giuliette Bebell**

C.C. 0802906495

## Dedicatoria

*Dedicado a la Giuliette del futuro,  
perdón por hacerte siempre la vida imposible.*

## Agradecimientos

A mi mami, Sara, porque su amor y apoyo incondicional me ha permitido llegar a donde estoy hoy y su eterna lucha ha servido de inspiración para mí como mujer y como profesional. Y a mi papi, Fernando, que me enseñó que la educación es la verdadera luz.

A mis hermanas, Andrea y Sara, que me han dado un ejemplo de la mujer fuerte e independiente en la que me quiero convertir, su cariño y complicidad han sido clave en esta etapa de mi vida. A Zoe y a Luisa, que me inspiran cada día para convertirme en un ejemplo digno de seguir.

A mis profesores, porque su guía ha sido indispensable para mi formación académica. Sobre todo, a la doctora Karina Proaño, quien no solo fue una fuente de conocimiento científico, sino que me ayudó a crecer como persona convirtiéndose en una imagen materna para mí y transformando el laboratorio en una familia. Parte de esta familia también es Gaby Miño, nuestra laboratorista, quien siempre se aseguró de defender nuestros derechos y de hacernos cumplir con nuestras obligaciones.

Agradezco a mis amigos Pedro José y Richard, en esta etapa se convirtieron en mis hermanos y no lo hubiera logrado sin ustedes. Gracias también a Angy, Sophi, Isra, Taty y Gaby porque su amistad y las experiencias compartidas son para siempre. A Max y Antonella, por su amistad incondicional y su ayuda con los números. Agradezco también a Santiago, porque en estos últimos meses ha sido mi roca y no hubiera probado ni una sola comida hecha en casa si no fuera por ti.

Y por último y no menos importante, a mi gato, Lucas, mi constante compañía que ha pasado a mi lado cada día y cada madrugada.

*Con amor, Giuliette.*

## Índice de Contenido

Certificación .....	3
Responsabilidad de Autoría .....	4
Autorización de Publicación .....	5
Dedicatoria.....	6
Agradecimientos .....	7
Índice de Contenido .....	8
Índice de Tablas .....	11
Índice de Figuras .....	12
Resumen .....	13
Abstract .....	14
Capítulo 1: Introducción .....	15
Formulación del problema.....	15
Justificación del problema.....	17
Objetivos.....	18
Objetivo General .....	18
Objetivos Específicos .....	18
Marco Teórico.....	19
Fitomejoramiento.....	19
Mejoramiento tradicional de las plantas .....	20



Selección masiva .....	20
Pedigrí.....	20
Método de crianza masal .....	22
Retrocruzamiento .....	22
Selección recurrente .....	24
Fitomejoramiento asistido .....	24
Marcadores genéticos.....	25
Marcadores morfológicos .....	25
Marcadores moleculares .....	26
Aplicaciones de los marcadores moleculares en las plantas.....	32
Análisis bibliométrico .....	34
Hipótesis.....	37
Capítulo 2: Materiales y Métodos.....	38
Participantes.....	38
Zona de Estudio.....	38
Duración de la Investigación .....	38
Estrategia de búsqueda .....	38
Bases de Datos.....	39
Criterios de selección .....	40
Generación de la matriz de datos .....	41
Análisis de datos.....	42

	10
Indicadores bibliométricos .....	42
Capítulo 3: Resultados.....	45
Generación de la base de datos .....	45
Productividad científica en el Ecuador .....	47
Principales cultivos mejorados .....	54
Uso de marcadores moleculares en el país .....	55
Capítulo 4: Discusión .....	57
Producción científica en el Ecuador .....	57
Marcadores moleculares en el fitomejoramiento .....	59
Principales cultivos mejorados .....	61
Capítulo 5: Conclusiones .....	63
Capítulo 6: Recomendaciones .....	65
Bibliografía.....	66

## Índice de Tablas

<b>Tabla 1.</b> <i>Diferentes indicadores de actividad</i> .....	35
<b>Tabla 2.</b> <i>Indicadores de impacto</i> .....	36
<b>Tabla 3.</b> <i>Universidades del Ecuador que se emplearon en la búsqueda de información</i> .....	39
<b>Tabla 4.</b> <i>Información recolectada para generar la matriz</i> .....	41
<b>Tabla 5.</b> <i>Indicadores de productividad utilizados para evaluar la producción científica referente al fitomejoramiento en el Ecuador</i> .....	42
<b>Tabla 6.</b> <i>Métodos de obtención de los diferentes indicadores de productividad</i> .....	43
<b>Tabla 7.</b> <i>Número y porcentaje de publicaciones según el tipo de documento</i> .....	51

## Índice de Figuras

<b>Figura 1.</b> <i>Esquema del Método de Pedigrí.....</i>	21
<b>Figura 2.</b> <i>Esquema de retrocruzamiento.....</i>	23
<b>Figura 3.</b> <i>Marcadores moleculares empleados en el período de 1973 a 2013 según el número de citas en Google Scholar.....</i>	27
<b>Figura 4.</b> <i>Esquema de la técnica de RFLP.....</i>	28
<b>Figura 5.</b> <i>Esquema de la técnica de RAPD.....</i>	29
<b>Figura 6.</b> <i>Esquema de la técnica de AFLP.....</i>	30
<b>Figura 7.</b> <i>Número de publicaciones sobre fitomejoramiento en cada institución.....</i>	46
<b>Figura 9.</b> <i>Distribución anual de la producción científica realizada en el Ecuador referente al fitomejoramiento.....</i>	47
<b>Figura 10.</b> <i>Histograma y polígono de frecuencias de las publicaciones que evidencian la producción científica referente al fitomejoramiento en el Ecuador.....</i>	48
<b>Figura 11.</b> <i>Representación gráfica de los índices de productividad por décadas en el Ecuador.....</i>	49
<b>Figura 12.</b> <i>Cantidad de publicaciones por cada tipo de documento.....</i>	51
<b>Figura 13.</b> <i>Porcentaje de documentos en las diferentes etapas de investigación. Grupo A: estudios previos.....</i>	53
<b>Figura 14.</b> <i>Cultivos en los que se realiza el fitomejoramiento en el Ecuador y categorías en las que se distribuyen.....</i>	54
<b>Figura 15.</b> <i>Marcadores moleculares empleados en el fitomejoramiento en Ecuador durante las últimas décadas.....</i>	56

## Resumen

La agricultura es una de las principales actividades económicas del Ecuador, sin embargo, el cultivo de plantas se ve afectado por las condiciones climáticas adversas, así como plagas y enfermedades. El mejoramiento de plantas es una práctica que permite el desarrollo de variedades de cultivo con la capacidad de enfrentar los diversos problemas del sector agrícola. La forma tradicional de llevar a cabo el fitomejoramiento se basa en la selección de variedades según las características (nutricionales, morfológicas, resistencia a enfermedades) más deseables, estos procedimientos se basan en la observación de campo. La biotecnología provee de herramientas para facilitar el fitomejoramiento, como lo son los marcadores moleculares, que permiten mejorar la eficiencia de planes de mejoramiento al reducir el tiempo para desarrollar una variedad mejorada. En el presente estudio se recopilaron las publicaciones realizadas en el Ecuador referentes al mejoramiento de plantas. Se creó una matriz resumiendo la información de los diferentes documentos recopilados y se analizó esta información utilizando indicadores bibliométricos de producción. Se recopilaron 228 documentos que evidencian la productividad científica en el Ecuador enfocada al fitomejoramiento. Se determinó que aproximadamente la mitad de los documentos recopilados son tesis de grado. Se concluyó también que a mediados de los años 90 hubo un crecimiento significativo en el número de publicaciones, las mismas que consistían en estudios de diferentes tipos, separándose entre mejoramiento asistido por marcadores moleculares y mejoramiento tradicional, este último siendo el más ejecutado en el Ecuador.

### **PALABRAS CLAVE:**

- **FITOMEJORAMIENTO**
- **MARCADORES MOLECULARES**
- **ECUADOR**

## **Abstract**

Agriculture is one of the main economic activities in Ecuador, however, plant farming is affected by hostile weather, as well as plague and diseases. Plant breeding is a practice that allows the development of crop varieties with the ability to face the problems of agroindustry. The traditional way to do plant breeding is based on the selection of varieties according to the most desirable characteristics (nutritional, morphological, resistance to diseases), these procedures are based on field observation. Biotechnology provides tools to facilitate plant breeding, such as molecular markers, which allow the improvement of breeding plans by reducing the time to develop an improved crop. In this study, the publications made in Ecuador referring to plant breeding were compiled. A matrix was created summarizing the information from the different documents collected and this information was analyzed using bibliometric indicators of production. 228 documents were collected that show the scientific productivity in Ecuador, focused on plant breeding. It was determined that approximately half of the documents collected are graduate thesis. It was also concluded that in the mid-90s there was a significant growth in the number of publications, which consisted of studies of different types, separating between improvement assisted by molecular markers and traditional improvement, the latter being the most executed in Ecuador.

### **KEY WORDS:**

- **PLANT BREEDING**
- **MOLECULAR MARKERS**
- **ECUADOR**

## Capítulo 1: Introducción

### Formulación del problema

La agricultura es una de las actividades humanas más antiguas, desde la época del Neolítico. Esta actividad permitió la transición de poblaciones dedicadas a la caza y recolección de alimentos a poblaciones establecidas en localidades específicas (Broushaki, *et al*, 2016), lo que dio origen a la producción agrícola como la conocemos en la actualidad. La adopción de la agricultura implica la domesticación de especies vegetales silvestres, para tratar de mantener los recursos disponibles. Esta domesticación es un proceso productivo que trata de controlar diferentes variables como luz, humedad, temperatura o cantidad de nutrientes para mejorar la producción (Casa & Caballero, 1995).

El mejoramiento de plantas es una de las prácticas científicas más antiguas del hombre, que inició antes del siglo XX (Cornide, 2001). Este proceso se puede describir como el mejoramiento de plantas en un cultivo con intervención antropogénica. El fitomejoramiento se fundamenta en la selección de variedades que presentan características favorables para el consumo (Murphy, 2007; Pathirana, 2011). El resultado de la domesticación y el fitomejoramiento se puede observar claramente entre una planta cultivada y su variedad silvestre (Casa & Caballero, 1995).

En la actualidad, una herramienta fundamental para la agricultura y el mejoramiento de plantas es la biotecnología. La cual permite la introducción de rasgos que pueden mejorar cultivos existentes. El desarrollo de nuevas tecnologías en el mejoramiento de plantas implica un crecimiento tanto para el sector agrícola como para la economía del país.

En el Ecuador se han realizado planes de mejoramiento de plantas desde la década de los 60. Los programas de fitomejoramiento en el país iniciaron con la recolección de muestras vegetales, generando bancos de germoplasma. La evaluación del material vegetal permitió establecer la base de la diversidad de las plantas de interés agrícola para el país. Sin embargo, la obtención de una variedad mejorada por métodos tradicionales conlleva décadas de trabajo. Es así que en 1979 el INIAP presenta la primera variedad mejorada de fréjol luego de 16 años de experimentación (Peralta, *et al.*, 2012).

En cambio, con nuevas estrategias biotecnológicas como el mejoramiento asistido por marcadores (MAS, por sus siglas en inglés) se puede sobrellevar el reto que implica el mejoramiento tradicional. Esta técnica ha demostrado ser útil en el fitomejoramiento ya que permite inferir la presencia de un gen de interés a partir de la presencia de un marcador ligado. Esta estrategia identifica al individuo portador del gen de una forma más eficiente, disminuyendo el tiempo en el que se obtendría una variedad mejorada (Kumar, 1999).

La implementación de estas tecnologías inicia con el conocimiento de la producción científica en el área de estudio. Esta información a más de ser transferida debe de ser evaluada, por lo que es necesario que se realicen estudios de revisión y análisis bibliométricos para que los procesos investigativos estén sujetos a una valoración. Evaluar la producción científica del país es una práctica que permite ser objetivos en el análisis de los resultados de las investigaciones, lo que permite tomar decisiones de una forma más eficiente, destinar presupuestos e implementar políticas. Los artículos de revisión, revisiones sistemáticas y análisis bibliométricos son herramientas que permiten no solo sintetizar la información científica que se produce, sino que también evaluar su contenido permitiendo mejorar su calidad.



### **Justificación del problema**

La agricultura es una de las actividades más importantes a nivel mundial, aportando con un promedio de 10.19% del producto interno bruto (PIB) a nivel mundial (Banco Mundial, 2019). Además de ser una fuente de ingreso de divisas al cultivar productos destinados a la exportación. En el Ecuador, la agricultura aporta con el 9% del PIB, empleando cerca del 26.8% de la población económicamente activa (Fillao, 2017).

La agricultura en el Ecuador es un pilar fundamental para la alimentación y la economía del país, siendo la principal fuente de trabajo para los ecuatorianos (Pino, *et al.*, 2018). Sin embargo, el sector agrícola enfrenta a problemas que pueden provocar pérdidas irreparables en los cultivos y que afectan tanto la economía de las familias como del país. Las mayores pérdidas son causadas por condiciones climáticas adversas, como la sequía e inundaciones, así como plagas y enfermedades. La implementación de programas de fitomejoramiento juega un papel importante en el desarrollo de nuevas variedades de cultivos que permite enfrentar los diversos problemas del sector agrícola. Además, se pueden identificar características de calidad para mejorar las propiedades nutricionales u ornamentales de cultivos de interés para el país.

La Biotecnología sirve como una herramienta de gran importancia para asistir a los programas de mejoramiento mediante marcadores moleculares (Kumar, 1999). El mejoramiento asistido por marcadores facilita los programas de fitomejoramiento ya que pueden asociar genes de interés a características específicas en diferentes generaciones, lo que permite un desarrollo eficiente de variedades mejoradas (Lefebvre & Chèvre, 1995).

En el Ecuador, el Instituto Nacional de Investigaciones Agropecuarias (INIAP) lleva a cabo la mayor parte de programas de mejoramiento de plantas de interés agrícola. Por lo que es necesario una revisión sistemática acerca de todos los trabajos que se realizan en el país referente al fitomejoramiento para visibilizar la investigación científica. Lo que permitiría analizar el estado actual del mejoramiento de plantas en el Ecuador.

## **Objetivos**

### ***Objetivo General***

Analizar el estado actual del mejoramiento genético de plantas mediante marcadores moleculares en el Ecuador.

### ***Objetivos Específicos***

- Generar una base de datos de los principales centros de investigación agrícola referente al mejoramiento genético de plantas en el Ecuador.
- Determinar la producción científica que se genera en el Ecuador referente al mejoramiento genético de plantas, mediante indicadores bibliográficos de producción.
- Identificar los principales cultivos que están sometidos a programas de mejoramiento en investigaciones agronómicas en el Ecuador.
- Establecer el rol de los marcadores moleculares como herramientas para optimizar los programas de mejoramiento en el país.

## **Marco Teórico**

### ***Fitomejoramiento***

Se considera como fitomejoramiento la evolución de plantas cultivadas, un proceso que empezó hace aproximadamente 11000 años con el cultivo y la domesticación de variedades de plantas silvestres en diferentes partes del mundo (Allard, 1999). En la época del Neolítico, las poblaciones hicieron transición de la caza y la recolección de frutos al cultivo de alimentos, dando paso al establecimiento de las poblaciones en localidades específicas (Broushaki, *et al*, 2016). Otros eventos que se consideran clave para el fitomejoramiento son el apareamiento de los principios Darwinianos y Mendelianos que a inicios del siglo XX dieron paso a la fase científica de la domesticación y mejoramiento de plantas (Allard, 1999).

La domesticación fue un tema de especial atención para Darwin ya que este proceso funciona como una analogía entre la selección natural y la selección artificial. Los experimentos con plantas le permitieron incursionar en temas como la variabilidad y la herencia, los cuales eran vitales para su teoría de selección natural. Por otro lado, Mendel con su experimentación y posterior formulación de las leyes de herencia genética empezó a desvelar temas tales como las características similares entre la descendencia y sus progenitores (Borém, *et al.*, 2002).

El fitomejoramiento empezó como domesticación de plantas silvestres, siendo uno de los procesos evolutivos más importantes para el desarrollo de la sociedad. La domesticación ha sido un proceso evolutivo unidireccional donde las especies silvestres responden a las acciones generadas por el hombre, resultando en cambios genéticos y morfológicos favorables para el consumo. La domesticación también ha sido

considerada como una codependencia entre planta y humano, debido a la necesidad de la planta para la dispersión de las semillas como en el caso del maíz (Chacón, 2010).

### **Mejoramiento tradicional de las plantas**

Los procesos de mejoramiento que se utilizan comúnmente en las plantas se desarrollaron incluso antes del aporte de Mendel a la genética. Estos procesos incluyen la selección masiva, pedigrí y crianza masal. Luego en la primera mitad del siglo XX surgieron el retrocruzamiento y la selección recurrente (Borém, Guimaraes, Federizzi, & José, 2002).

#### ***Selección masiva***

Es uno de los métodos de fitomejoramiento más antiguos. Se usa comúnmente en cultivos de polinización cruzada para mejorar y mantener variedades. Este método implica la selección de un gran número de plantas con similar fenotipo. Las semillas obtenidas por polinización abierta se recolectan para la siguiente generación. El ciclo de selección se puede repetir para aumentar la frecuencia de alelos favorables. Al seleccionar las plantas por su fenotipo se deben elegir rasgos que sean observables y con alta heredabilidad (Singh, *et al.*, 2021).

#### ***Pedigrí***

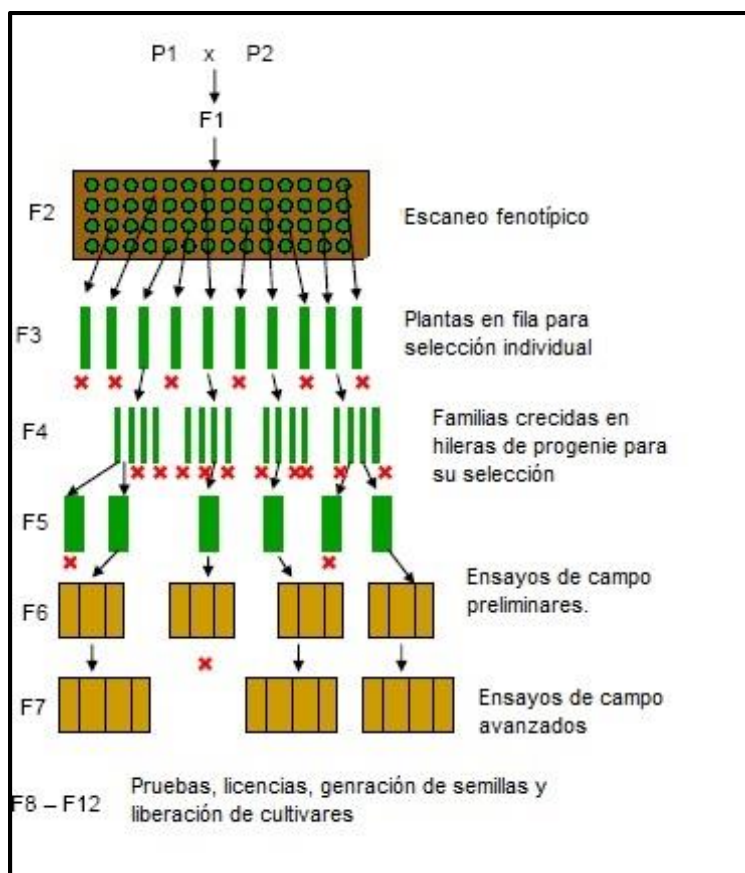
En este método las plantas se seleccionan a partir de la generación F2 y la progenie se vuelve a seleccionar hasta alcanzar plantas homocigóticas. En el método de pedigrí, los registros de las plantas individuales seleccionadas se deben mantener con precisión de manera que se pueda rastrear cada línea seleccionada cuando sea necesario (Singh, *et al.*, 2021).

El método de pedigrí se detalla en la Figura 1. El proceso empieza con la hibridación de los parentales con las características deseables. La primera generación

(F1), a pesar de ser altamente heterocigota, tendrá genotipos similares y se verán idénticas. El proceso de selección comienza en la generación F2, ya que estas plantas son genéticamente distintas y la diversidad genética es máxima. En esta etapa el 50% de las plantas van a ser heterocigotas y en cada generación sucesiva la heterocigocidad se reduce a la mitad. Para la generación F5 el 95% de las plantas son homocigotas y para la F8 se ha logrado el 99% de homocigosidad (Singh, Singh, & Singh, 2021).

**Figura 1.**

*Esquema del Método de Pedigrí.*



*Nota:* Modificado de: Ribaut & Betrán (1999)

### ***Método de crianza masal***

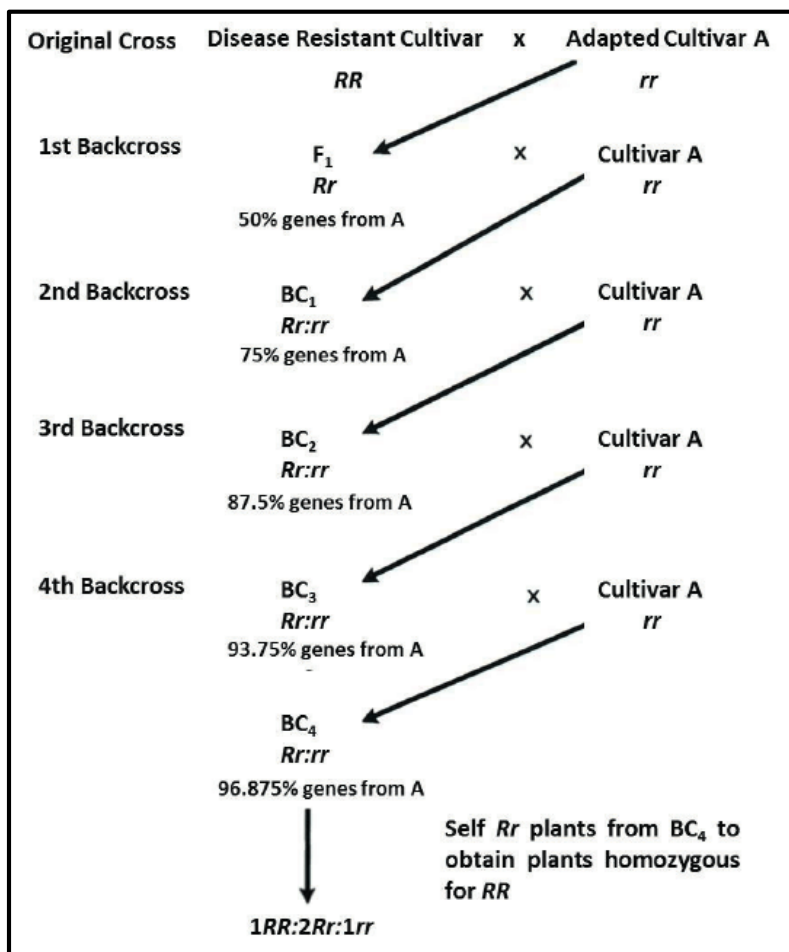
En este método se hacen varios cruces y las poblaciones segregantes se cosechan masivamente durante varias generaciones, hasta que se alcance el nivel deseado de homocigosidad. Se realizan selecciones de plantas individuales y se evalúan en viveros de selección y ensayos de rendimiento. Esta metodología es considerada como una de las más fáciles y eficientes respecto a costos. Sin embargo, solo se puede cultivar una generación cada año, lo que constituye una seria limitación de este método. Además, la selección natural favorece a las plantas competitivas, algo que se busca evitar en muchos programas de mejoramiento. En consecuencia, el método de crianza masal puede ser más eficaz cuando las condiciones del vivero imponen una fuerte presión de selección para un rasgo deseado (Janick, 1997).

### ***Retrocruzamiento***

El método de retrocruzamiento implica el cruce de un híbrido (F1 o sus progenies) con uno de sus progenitores, con el objetivo de mejorar el cultivar al agregar uno o varios genes del donador (Figura 2).

Figura 2.

Esquema de retrocruzamiento.



Nota: Recuperado de Schulthess & Schwember (2013)

Esta metodología es complementaria a las que se han descrito anteriormente. Un programa de fitomejoramiento puede llevar a cabo *forward breeding* y utilizar el método de retrocruzamiento para agregar uno o varios genes y así mejorar la variedad y cumplir con los requerimientos que el mercado exige para el producto (Singh, Singh, & Singh, 2021).

No existe un número absoluto de retrocruzamientos necesarios, sin embargo, para lograr que se transfiera el rasgo deseado se requieren entre 6-8 generaciones de retrocruces. Al final, los genotipos seleccionados son autopolinizados para alcanzar líneas homocigotas para el rasgo deseado (Priyadarshan, 2019).

### **Selección recurrente**

Es un método de mejoramiento que se desarrolló con el objetivo de aumentar la frecuencia de combinaciones deseadas de alelos, en una población, para un rasgo cuantitativo heredable. El ciclo consiste en tres etapas: evaluación, selección y cruce. La selección recurrente se ha utilizado para aumentar el rendimiento, alterar la calidad de la planta, incrementar la resistencia a pestes y mejorar la resistencia a condiciones ambientales. Esta metodología se ha utilizado también para la adaptación de germoplasma exótico para incrementar la diversidad genética de un cultivo y mantener ganancias genéticas a largo plazo para rasgos agronómicos importantes (Janick, 1997).

La selección recurrente suele confundirse con la selección masiva, sin embargo, existen claras distinciones. En la selección masiva se eligen las plantas femeninas después de la polinización con polen de plantas tanto seleccionadas como no seleccionadas. En cambio, en la selección recurrente tanto las plantas femeninas como las masculinas son seleccionadas ya que se duplica la ganancia genética esperada (Singh, *et al.*, 2021).

### **Fitomejoramiento asistido**

El mejoramiento de plantas ha logrado incrementar la producción y desarrollar cultivos resistentes tanto a plagas como a condiciones ambientales adversas. Sin embargo, el fitomejoramiento debe ajustarse al cambio al que están sujetas las



prácticas agrícolas. Por un lado, la evolución de la agricultura ha creado la necesidad de desarrollar nuevos genotipos con características agronómicas específicas. El ambiente está cambiando constantemente, hongos, bacterias y otras plagas evolucionan y logran superar la resistencia de las plantas. Los hábitos de los consumidores también se encuentran en constante cambio, generando nuevos requerimientos para los cultivos (Collar & Mackill, 2008). Por lo tanto, el fitomejoramiento debe ajustarse al cambio y para desarrollar nuevas variedades de cultivo, se deben optar por técnicas que se ajusten a los requerimientos actuales.

El desarrollo de la biología molecular en el área vegetal ha permitido un crecimiento en la capacidad de entender la genética de los rasgos en el mejoramiento de plantas. Técnicas como el uso de marcadores de DNA para caracterización de germoplasma, selección asistida por marcadores y la manipulación de regiones genómicas involucradas en la expresión de características de interés, han demostrado ser útiles para lograr procesos más eficientes en el fitomejoramiento y revolucionar las prácticas agrícolas tradicionales (Ribaut & Hoisington, 1998).

### **Marcadores genéticos**

Los marcadores genéticos son segmentos específicos en un cromosoma que sirven como puntos de referencia para analizar el genoma. Existen dos tipos de marcadores genéticos: los marcadores morfológicos y los marcadores moleculares (Kumar, 1999).

#### ***Marcadores morfológicos***

Estos marcadores son rasgos morfológicos que son controlados por un único locus y pueden ser utilizados como marcadores genéticos siempre y cuando su

expresión sea reproducible en una variedad de ambientes. La herencia de estos marcadores se puede monitorear de manera visual sin la necesidad de técnicas bioquímicas o moleculares especializadas. La expresión de estos marcadores se ve alterada por interacciones epistáticas y pleiotrópicas. El número de marcadores morfológicos es muy limitado y sus alelos interactúan de manera dominante-recesiva, por lo que es imposible distinguir a los individuos heterocigotos de los homocigotos (Kumar, 1999).

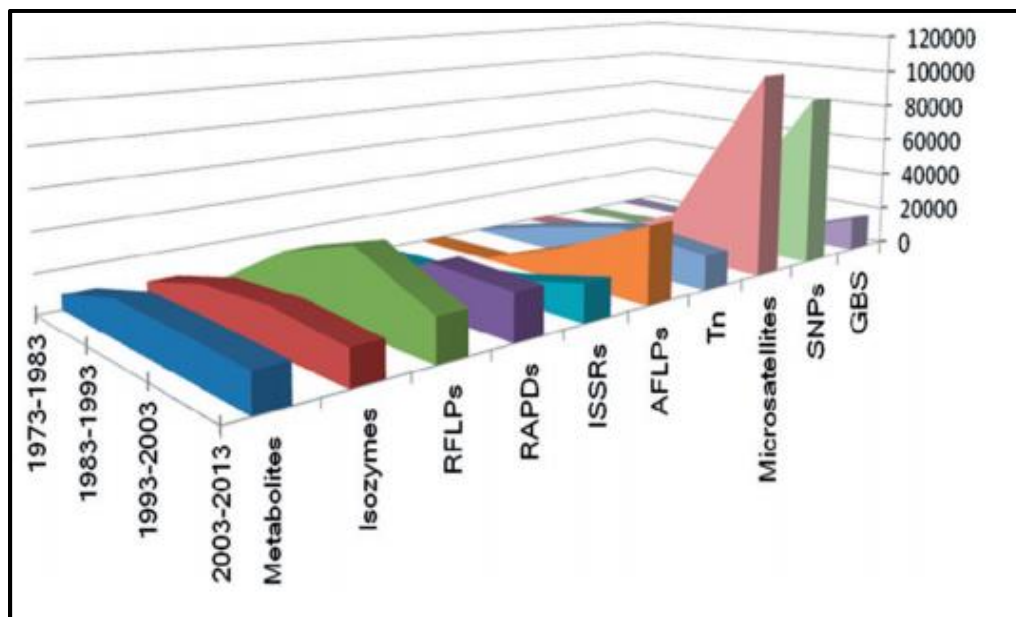
### ***Marcadores moleculares***

Los marcadores moleculares se caracterizan por detectar la variabilidad genética entre diferentes individuos, basándose en el polimorfismo que se encuentra en el DNA (Grover & Sharma, 2014). Los marcadores que revelan polimorfismos a nivel de proteínas se conocen como marcadores bioquímicos, siendo los más utilizados las isoenzimas. Estos marcadores protéicos detectan diferencias en la secuencia de genes y funcionan como marcadores codominantes, sin embargo, su uso es limitado debido a su escasa presencia y por estar sujetos a modificaciones postraduccionales (Kumar, 1999).

Los avances en el campo de la biología molecular han facilitado durante las últimas décadas el desarrollo de una variedad de marcadores moleculares basados en el DNA. Es así que Grover y Sharma (2014) muestran en su trabajo el incremento en el uso de los marcadores moleculares, durante el período de 1973 hasta el 2013, según el análisis de las citas en Google Scholar (Figura 3).

**Figura 3.**

*Marcadores moleculares empleados en el período de 1973 a 2013 según el número de citaciones en Google Scholar.*



*Nota: Recuperado de Grover & Sharma (2014)*

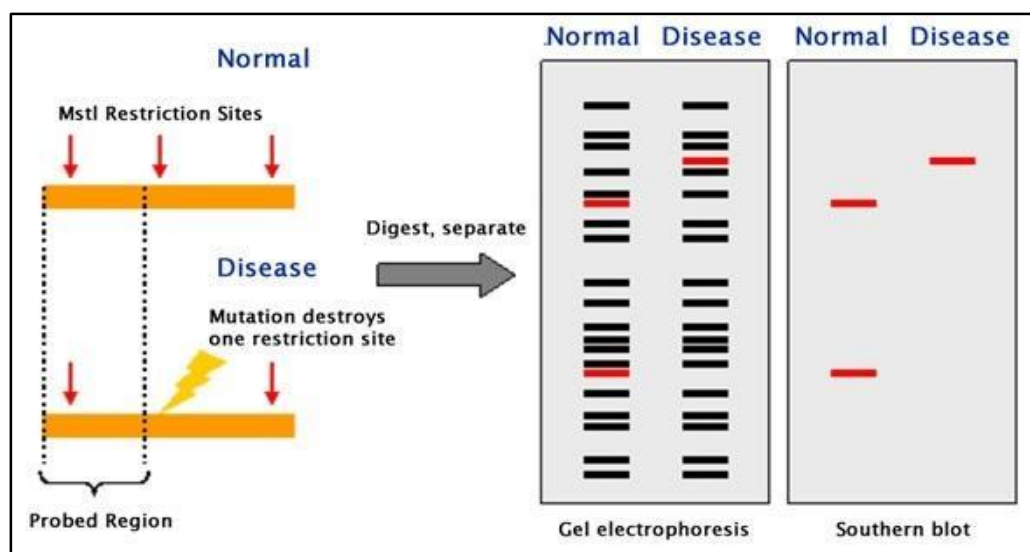
Se puede notar que la resolución y el uso de los marcadores de DNA mejoraron considerablemente gracias al avance en las técnicas de hibridación de ácidos nucleicos, reacción en cadena de la polimerasa (PCR) y secuenciación de ADN (Grover & Sharma, 2014).

Los marcadores moleculares según su acción genética pueden ser dominantes o codominantes y según el modo de transmisión podrán ser de herencia de orgánulos maternos, paternos, nuclear materna o nuclear biparental. Los marcadores moleculares pueden clasificarse también por el método de detección (hibridación o PCR) (Semagn, *et al*, 2006).

El principal marcador molecular basado en hibridación es el Polimorfismo de longitud de fragmentos de restricción (RFLP), el cual detecta la diferencia de secuencias de ADN homólogas, basándose en fragmentos de diferentes longitudes obtenidos después de la digestión de las muestras de ADN con endonucleasas de restricción específicas (Figura 4). Los polimorfismos son resultado de inserciones o deleciones (conocidas como InDels), mutaciones puntuales, translocaciones, duplicaciones e inversiones.

**Figura 4.**

*Esquema de la técnica de RFLP*



*Nota: Recuperado de Cheriyaedath (2019).*

El primer paso en la metodología de RFLP es el aislamiento de ADN puro, el cual se mezcla con enzimas de restricción para cortar el ADN en loci particulares, dando como resultado una gran cantidad de fragmentos con diferentes longitudes. A continuación, se realiza una electroforesis en gel de agarosa o poliacrilamida (PAGE) para la separación de estos fragmentos y así poder observar un patrón diferente de

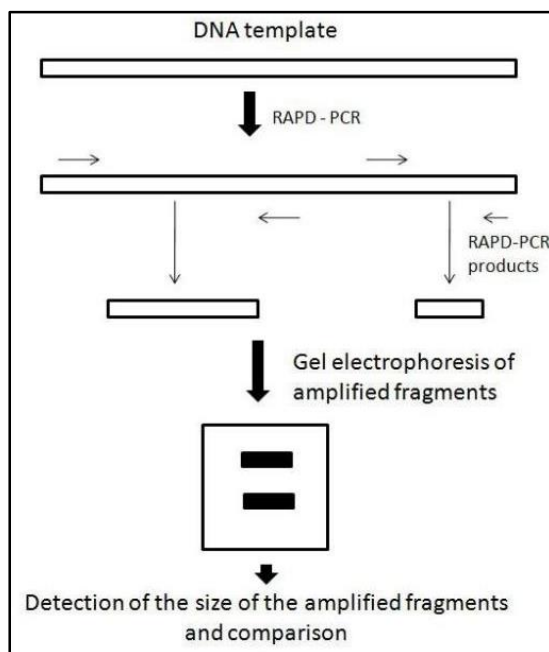
bandas causado por deleciones, mutaciones, inversiones, translocaciones y transposiciones de pares de bases (Azhar, *et al.*, 2017). Finalmente, los fragmentos de DNA se hibridan con una sonda que permite la visualización.

La sonda es una secuencia que se hibrida a los fragmentos de DNA que se separaron en el gel de agarosa después de la digestión con las enzimas de restricción. Estas sondas se utilizan con frecuencia en el mapeo de genomas y en el análisis de variaciones (Kumar, 1999).

Existen otros tipos de marcadores moleculares basados en PCR, uno de los más utilizados es la Amplificación aleatoria de ADN polimórfico (RAPD). Esta técnica utiliza cebadores arbitrarios que se unen a los sitios no específicos del ADN y lo amplifican. Estos fragmentos amplificados se migran en un gel de agarosa para luego observar la diferencia en el patrón de bandas (Figura 5).

### Figura 5.

Esquema de la técnica de RAPD



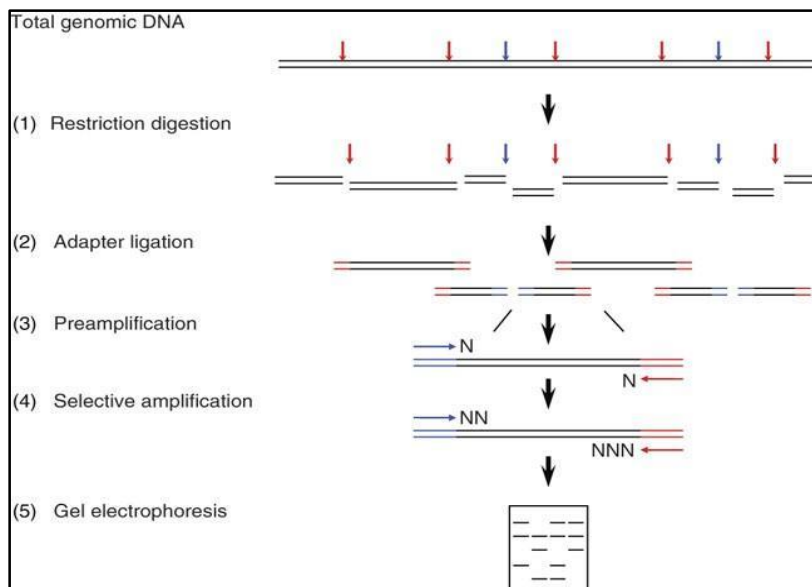
*Nota: Recuperado de (Arif, et al, 2010).*

Los marcadores tipo RAPD son una técnica relativamente simple y poco costosa que se utiliza para estudios de diversidad (Chatterjee & Raval, 2019). Los cebadores utilizados en esta técnica tienen una longitud de 10 pares de bases de secuencia arbitraria con un contenido de GC del 60% o superior. Los polimorfismos de RAPD resultan de la variación de la secuencia en los sitios de cebado y/o la variación de longitud en la secuencia diana que se encuentra entre los sitios de unión del cebador (Grover & Sharma, 2014).

Otros marcadores moleculares basados en PCR son los Polimorfismos en la longitud de fragmentos amplificados (AFLP). La técnica de AFLP se realiza con una amplificación selectiva de fragmentos de restricción que resultan de una digestión total de ADN genómico para generar y comparar patrones de banda únicos para genomas de interés (Figura 6).

### Figura 6.

#### *Esquema de la técnica de AFLP*



*Nota: Recuperado de Vuylsteke y colaboradores (2007)*

En esta técnica las amplificaciones por PCR se llevan a cabo en condiciones muy estrictas. Los cebadores, además de ser específicos del adaptador, también llevan extensiones aleatorias de 1-3 nucleótidos en el extremo 3' para amplificar selectivamente fragmentos genómicos de ubicaciones aleatorias. Los amplicones obtenidos se corren en un gel de poliacrilamida, resultando típicamente entre 40 y 200 bandas. El polimorfismo se da debido a mutaciones en los sitios de restricción (Grover & Sharma, 2014).

La ventaja de este método radica principalmente en que no requiere información previa sobre el genoma objetivo, además posee una alta reproducibilidad y sensibilidad para detectar polimorfismo a nivel de secuencia de ADN (Paun & Schönswetter, 2012).

Uno de los marcadores basados en PCR más utilizados en estudios de fitomejoramiento son los Microsatélites o Repeticiones de secuencias simples (SSR). Los SSR son repeticiones cortas de 1-6 nucleótidos que están presentes abundantemente en el genoma de varios taxones. Tales repeticiones tienden a replicarse de manera imprecisa durante la síntesis de ADN, generando nuevos alelos con diferentes números de unidades repetidas (Grover & Sharma, 2014). Los microsatélites están distribuidos en el genoma, aunque también se pueden encontrar en cloroplastos y mitocondrias. Las secuencias que flanquean los SSR se conservan y se utilizan en el desarrollo de cebadores. El desarrollo de estos marcadores implica el desarrollo de una biblioteca SSR y luego la detección de microsatélites específicos. A partir de este paso, se realiza la detección de regiones favorables para el diseño de cebadores y continuar con la PCR. A continuación, se realiza la interpretación de los patrones de bandas y la evaluación de los productos de PCR para la investigación del polimorfismo (Azhar, *et al*, 2017).

Entre los marcadores moleculares basados en PCR también se encuentran las Repeticiones entre secuencias simples (ISSR). Esta técnica también se conoce como PCR cebada con microsatélites, la cual es una reacción de amplificación con un cebador oligonucleotídico (microsatélite) único anclado en cualquiera de los extremos. La técnica combina los beneficios de RAPD con reproducibilidad y especificidad. La reproducibilidad se logra gracias a tanto a la longitud de los cebadores comparados con los de RAPD como a la temperatura de *annealing* más alta usada en la PCR. La abundancia de microsatélites en los genomas y su hipervariabilidad (entre individuos de la misma especie, así como entre diferentes especies) asegura la utilidad de los marcadores ISSR (Grover & Sharma, 2014).

### **Aplicaciones de los marcadores moleculares en las plantas**

El progreso de los marcadores de DNA ha provisto a los investigadores en el área vegetal con técnicas que van desde los análisis filogenéticos hasta la clonación posicional de genes. Para utilizar los innumerables polimorfismos de manera eficiente como marcadores genéticos, es necesario conocer sus ubicaciones genómicas individuales construyendo mapas de ligamiento genético.

Por lo tanto, una de las aplicaciones de estos marcadores es el desarrollo de mapas de ligamiento. El mapa de ligamiento genético representa gráficamente la disposición de los loci, incluyendo marcadores morfológicos, isoenzimas y marcadores de DNA, a lo largo del cromosoma. La distancia entre loci se expresa en centimorgans (cM) que representa la tasa de recombinación entre los loci, siendo que 1cM simboliza una frecuencia de recombinación del 1%. Una de las aplicaciones más frecuentemente



utilizadas de los mapas de ligamiento es la comparación de genomas de taxones con parentesco distante o incompatibles entre sí (Kumar, 1999).

Otra aplicación para los marcadores moleculares es la capacidad de analizar bancos de germoplasma, los cuales permiten un muestreo sistemático de las colecciones para posteriores programas de mejoramiento y conservación. Los marcadores moleculares se usan para cuantificar la diversidad genética y determinar las relaciones fenéticas de las plantas (Lee, 1998). La información sobre la diversidad genética en una especie de cultivo es importante para la selección de los parentales y en la predicción del rendimiento de los híbridos. Con el uso de los marcadores moleculares se puede predecir la heterocigocidad antes de ejecutar cruces, lo que puede reducir el número de cruces y la progenie a estudiar (Kumar, 1999). El conocimiento y manejo de la variación natural presente dentro de los cultivares domésticos y sus parientes silvestres de una especie vegetal son muy importantes para el establecimiento de un programa eficiente de fitomejoramiento.

Finalmente, una de las aplicaciones más importantes de los marcadores moleculares en el ámbito del fitomejoramiento es la Selección Asistida por Marcadores moleculares o MAS, por sus siglas en inglés. Esta aplicación se basa en la presencia de un gen debido a la presencia de un marcador que está estrechamente ligado a éste (Kumar, 1999). Cuando la expresión de una característica está regulada por un solo gen, la transferencia de una sola región genómica puede producir una mejora significativa del rasgo. Al hacer un mapa alélico del genoma con marcadores moleculares, se pueden identificar de manera eficiente las plantas que presentan una mejor composición del genoma (Ribaut & Betrán, 1999).

En general, los marcadores moleculares permiten identificar, cuantificar y caracterizar de manera más efectiva la variación genética de los individuos en estudio.

Además de marcar, clonar e introgresar genes de rasgos cuantitativos (QTL) mejorando el rasgo target al utilizar tecnologías de transformación genética y marcadores moleculares (Xu & Crouch, 2008).

Existen cinco consideraciones para el uso de marcadores de DNA en MAS: fiabilidad, cantidad y calidad del DNA requerido, dificultad del ensayo, nivel del polimorfismo (Mackill & Ni, 2008) y costos (Mohler & Singrün, 2004). Se debe considerar que el marcador debe estar estrechamente ligado al gen de interés, preferiblemente a 5cM de distancia o menos. Es importante tener en cuenta la cantidad y calidad del DNA que se necesita para la metodología de cada marcador, ya que en la práctica se puede dificultar y aumentar el presupuesto requerido para un costo/beneficio favorable y que la MAS sea factible. Se debe considerar además el grado de dificultad de la metodología y el tiempo ya que son factores decisivos para elegir un marcador molecular. El marcador ideal debería ser altamente polimórfico, que permita discriminar entre diferentes genotipos (Collar & Mackill, 2008).

### **Análisis bibliométrico**

Los estudios bibliométricos son una herramienta que permite analizar los procesos en la generación de conocimiento en diferentes áreas, para poder establecer patrones de evaluación en la producción científica (Espinoza, *et al*, 2018). La bibliometría busca cuantificar la actividad científica mediante leyes bibliométricas basadas en el comportamiento estadístico que permite determinar la cantidad de las publicaciones a lo largo del tiempo (Escorcía, 2008).

Para lograr evaluar las diferentes áreas científicas y su productividad se utilizan indicadores bibliométricos que proporcionan información sobre los resultados de un proceso e investigación. Estos indicadores permiten evaluar la actividad científica que

se está estudiando y las fuentes que se utilizan en la investigación. Los indicadores bibliométricos se clasifican en: indicadores de actividad e indicadores de impacto.

Los indicadores de actividad permiten la representación del estado real de la ciencia. Éstos se basan en el recuento de las publicaciones en una unidad de análisis, la misma que puede ser un área de investigación o un sector geográfico determinado. Los indicadores de actividad incluyen el número, dispersión y envejecimiento de publicaciones científicas. También se puede estudiar la productividad de unidades de análisis más pequeñas como instituciones o grupos de investigación (Bordons & Zulueta, 1999). En la Tabla 1 se describen los indicadores que se encuentran en este grupo junto con su definición (Camps, 2008).

**Tabla 1.**

*Diferentes indicadores de actividad.*

<b>Indicador de actividad</b>	<b>Definición</b>
<b>Número y distribución de publicaciones</b>	Mide el número total de publicaciones por instituciones y su distribución
<b>Productividad</b>	Número de trabajos por autor, revista o institución
<b>Dispersión de las publicaciones</b>	Análisis de las publicaciones sobre un tema o área entre las diversas fuentes de información. Permite descubrir núcleos de autores o revistas.
<b>Colaboración en las publicaciones</b>	Índice de autores por trabajo, se utiliza para determinar la cooperación científica.
<b>Envejecimiento</b>	Número de años desde la publicación, en el que las citas disminuyen a la mitad de su valor inicial
<b>Conexiones entre autores</b>	Estudio de las referencias que un estudio hace a otro, y de las citas que recibe.

*Nota: Elaborado a partir de Camps (2008).*

Por otro lado, están los indicadores de impacto, estos a diferencia de los de actividad (que son cuantitativos) valoran la calidad e importancia del contenido de los documentos. Con estos indicadores se puede evaluar el impacto de las investigaciones de diferentes autores, revistas o instituciones. Es importante destacar que el impacto de un documento no está necesariamente asociado a su calidad, la misma que se refiere al contenido científico en una publicación. Sin embargo se considera al impacto como un indicador indirecto de dicha calidad (Bordons & Zulueta, 1999). Estos indicadores se describen en la **Tabla 2**.

**Tabla 2.**

*Indicadores de impacto.*

<b>Indicadores de impacto</b>	<b>Definición</b>
<b>Publicaciones de alto impacto<sup>7</sup></b>	Con este nombre se conocen a los documentos recientes muy citados, son aquellos que muestran una inusual actividad de citas poco después de su publicación.
<b>Impacto de las revistas</b>	Este indicador se obtiene gracias a los datos publicados por el Instituto de Información Científica (ISI, por sus siglas en inglés) que presenta datos estadísticos cuantificables los cuales permiten evaluar las revistas más importantes a nivel mundial, su impacto e influencia en la comunidad científica.

*Nota: Elaborado a partir de Camps (2008).*

## **Hipótesis**

La producción científica, referente al mejoramiento asistido por marcadores moleculares, permite optimizar metodologías para el mejoramiento genético de plantas en el Ecuador.

## **Capítulo 2: Materiales y Métodos**

### **Participantes**

La presente investigación ha sido elaborada por Giuliette Meza Delgado egresada de la Carrera de Ingeniería en Biotecnología, bajo la tutoría de la Dra. Karina Proaño Ph.D. jefe del laboratorio de Biotecnología Vegetal. El financiamiento de la investigación estuvo a cargo del Laboratorio de Biotecnología Vegetal de la Universidad de las Fuerzas Armada ESPE.

### **Zona de Estudio**

El trabajo de investigación se realizó en el Laboratorio de Biotecnología Vegetal de la Universidad de las Fuerzas Armadas ESPE campus ubicado en Sangolquí, ubicado en el cantón Rumiñahui, de la Provincia de Pichincha en la Av. General Rumiñahui S/N y calle Ambato, Sector Santa Clara, Latitud: 0°18'53"S, Longitud: 78°26'36"O.

### **Duración de la Investigación**

El tiempo de duración de esta investigación fue de aproximadamente 9 meses. Se inició en el mes de octubre del 2020 y culminó en julio del 2021.

### **Estrategia de búsqueda**

Se realizó una búsqueda de documentos referentes al mejoramiento de plantas asistido por marcadores moleculares en el Ecuador. En las diferentes bases de datos, la búsqueda de los documentos se realizó utilizando las palabras clave "fitomejoramiento" y "marcadores moleculares" en español, mientras que en inglés se usaron "plant breeding" y "marker assisted selection".

### **Bases de Datos**

En la búsqueda de información científica se utilizaron bases de datos como la del NCBI (National Center for Biotechnology Information), Scopus y Google Scholar. Adicionalmente se utilizó la palabra clave “Ecuador” para seleccionar estudios realizados tanto en el país como en el extranjero con asociación a instituciones o autores ecuatorianos. En cuanto a las bases de datos nacionales se utilizaron la Biblioteca Digital Ecuatoriana, el repositorio del INIAP y los repositorios de 31 diferentes universidades del país (Tabla 3).

**Tabla 3.**

*Universidades del Ecuador que se emplearon en la búsqueda de información.*

Siglas	Universidad
<b>UASB</b>	Universidad Andina Simón Bolívar
<b>UCE</b>	Universidad Central del Ecuador
<b>EPN</b>	Escuela Politécnica Nacional
<b>UIDE</b>	Universidad internacional del Ecuador
<b>IAEN</b>	Instituto de los Altos Estudios Nacionales
<b>UOTAVALO</b>	Universidad de Otavalo
<b>ESPOL</b>	Escuela Superior Politécnica del Litoral
<b>PUCE</b>	Pontificia Universidad Católica del Ecuador
<b>USFQ</b>	Universidad San Francisco de Quito
<b>UDLA</b>	Universidad de las Américas
<b>UCUENCA</b>	Universidad de Cuenca
<b>UTN</b>	Universidad Técnica del Norte
<b>UEB</b>	Universidad Estatal de Bolívar
<b>UPS</b>	Universidad Politécnica Salesiana

---

<b>UNIANDES</b>	Universidad Regional Autónoma de los Andes
<b>UISRAEL</b>	Universidad Israel
<b>UAZUAY</b>	Universidad del Azuay
<b>UPEC</b>	Universidad Politécnica Estatal del Carchi
<b>UG</b>	Universidad de Guayaquil
<b>ESPAM</b>	Escuela Superior Politécnica Agropecuaria de Manabí
<b>UTE</b>	Universidad Tecnológica Equinoccial
<b>UNACH</b>	Universidad Nacional de Chimborazo
<b>UNL</b>	Universidad Nacional de Loja
<b>UTA</b>	Universidad Técnica de Ambato
<b>UTC</b>	Universidad Técnica de Cotopaxi
<b>UTMACHALA</b>	Universidad Técnica de Machala
<b>UTEQ</b>	Universidad Técnica Estatal de Quevedo
<b>UTB</b>	Universidad Técnica de Babahoyo
<b>UTPL</b>	Universidad Técnica Particular de Loja
<b>UNEMI</b>	Universidad Estatal de Milagro

---

### ***Criterios de selección***

Para seleccionar los documentos del presente estudio se tuvieron en cuenta dos criterios básicos: (i) que la investigación esté centrada en el tema de mejoramiento de plantas y (ii) que la investigación se haya realizado en el Ecuador o en el extranjero con una institución ecuatoriana asociada. Para la selección se realizó una revisión del contenido de cada documento para verificar que se cumplan los criterios establecidos y que pueda ser considerada para la investigación.



### Generación de la matriz de datos

Para generar la matriz de datos se recolectó la información de cada documento seleccionado en una hoja de cálculo de Excel. En la Tabla 4 se resumen los datos recolectados de cada documento.

**Tabla 4.**

*Información recolectada para generar la matriz.*

No.	Datos
1	Autores
2	Año
3	Cultivo
4	Etapa de la investigación
5	Marcadores moleculares utilizados
6	Institución del autor principal
7	Institución asociada en el Ecuador
8	Tipo de documento

En la matriz se especificó el cultivo de la investigación y la etapa según la siguiente categorización. En la etapa I se categorizaron los estudios previos a un programa de mejoramiento, evaluaciones de rasgos de interés, selección de líneas provisionarias, entre otros. En la etapa II se incluyeron los estudios que implicaban planes de mejoramiento con técnicas tradicionales y estudios participativos. En la etapa III se clasificaron los estudios en los que se emplean marcadores moleculares para asistir las metodologías de fitomejoramiento.

Se incluyó además en la matriz, el tipo de marcador que se utilizó en la investigación, así como la institución a la que pertenece el autor principal del documento para identificar los principales centros de investigación donde se ejecutan los estudios referentes al fitomejoramiento. Para las investigaciones que se desarrollaron en el extranjero se incluyó la institución asociada en el Ecuador.

## Análisis de datos

Una vez generada la matriz se procedió a analizar la información recopilada. Se evaluó la cantidad de documentos, los años de publicación, los cultivos utilizados, la etapa de la investigación, las principales instituciones participantes, entre otros. Se utilizaron diferentes gráficas generadas en Microsoft Excel para sintetizar y visualizar la información recopilada en la matriz.

### *Indicadores bibliométricos*

Se analizaron indicadores bibliométricos para evaluar el rendimiento de la producción científica en el Ecuador. Los documentos recolectados en la matriz no se limitan a artículos científicos, si no que incluyen tesis de grado, informes y boletines informativos, por tal razón en este análisis se utilizaron únicamente los indicadores de productividad (Tabla 5).

**Tabla 5.**

*Indicadores de productividad utilizados para evaluar la producción científica referente al fitomejoramiento en el Ecuador*

<b>Aspecto analizado</b>	<b>Indicador</b>
<b>Producción científica del país</b>	PE1 Número total de documentos
	PE2 Número y porcentaje anual de documentos
	PE3 Número y porcentaje de documentos según el tipo de documento
	PE4 Número y porcentaje de documentos según la etapa de la investigación
	PE5 Número y porcentaje de documentos según el cultivo
	PE6 Número y porcentaje de documentos según los marcadores moleculares utilizados
	PE7 Índice de productividad nacional
	PE8 Índice de productividad según los cultivos
	PE9 Índice de productividad según la etapa de la investigación
<b>Producción científica de las instituciones</b>	PI1 Número de instituciones
	PI2 Número y porcentaje de documentos por institución
	PI3 Número y porcentaje de documentos según el cultivo

P14	Número y porcentaje de documentos según la etapa de la investigación
P15	Número y porcentaje de documentos según los marcadores moleculares utilizados

Una vez recopilada la información de la matriz e identificados los indicadores que se van a usar para la evaluación, se procedió a realizar los cálculos de los indicadores bibliométricos seleccionados. El método para la obtención de los diferentes indicadores de productividad se menciona en la Tabla 6. Además, se realizaron conteos, sumas y promedios mediante Microsoft Excel que permitió la elaboración de gráficas estadísticas.

**Tabla 6.**

*Métodos de obtención de los diferentes indicadores de productividad.*

<b>Indicador</b>	<b>Cálculo</b>
<b>PE1</b> Número total de documentos	Recuento de los documentos recopilados en la matriz.
<b>PE2</b> Número y porcentaje anual de documentos	Se contabiliza la cantidad de documentos por cada año y al dividir por el total se obtiene el porcentaje.
<b>PE3</b> Número y porcentaje de documentos según el tipo de documento	Se contabiliza la cantidad de documentos por cada tipo y se calcula el porcentaje.
<b>PE4</b> Número y porcentaje de documentos según la etapa de la investigación	Se recuentan los documentos en cada etapa de la investigación y se calcula el porcentaje.
<b>PE5</b> Número y porcentaje de documentos según el cultivo.	Por cada cultivo identificado se enumeran los documentos y se obtiene el porcentaje.
<b>PE6</b> Número y porcentaje de documentos según los marcadores moleculares utilizados	Se contabiliza la cantidad de documentos con cada marcador molecular identificado y se calcula el porcentaje.
<b>PE7</b> Índice de productividad nacional	Con el número de documentos (N) identificado se aplica la fórmula: $IP = \log N$ Ecuación 1
<b>PE8</b> Índice de productividad según los cultivos	Con el número de documentos según el cultivo se aplica la Ecuación 1.

<b>PE9</b>	Índice de productividad según la etapa de la investigación	Con el número de documentos según la etapa de la investigación se aplica la Ecuación 1.
<b>PI1</b>	Número de instituciones	Se contabilizan las instituciones que documentan investigaciones en el ámbito.
<b>PI2</b>	Número y porcentaje de documentos por institución	Se contabilizan los documentos por cada institución y se calcula el porcentaje
<b>PI3</b>	Número y porcentaje de documentos según el cultivo	Se contabilizan los documentos de un cultivo específico en cada institución
<b>PI4</b>	Número y porcentaje de documentos según la etapa de la investigación	Se recuentan los documentos en cada etapa de investigación por cada institución
<b>PI5</b>	Número y porcentaje de documentos según los marcadores moleculares utilizados	Se recuentan los documentos según los marcadores moleculares utilizados por cada institución.

## Capítulo 3: Resultados

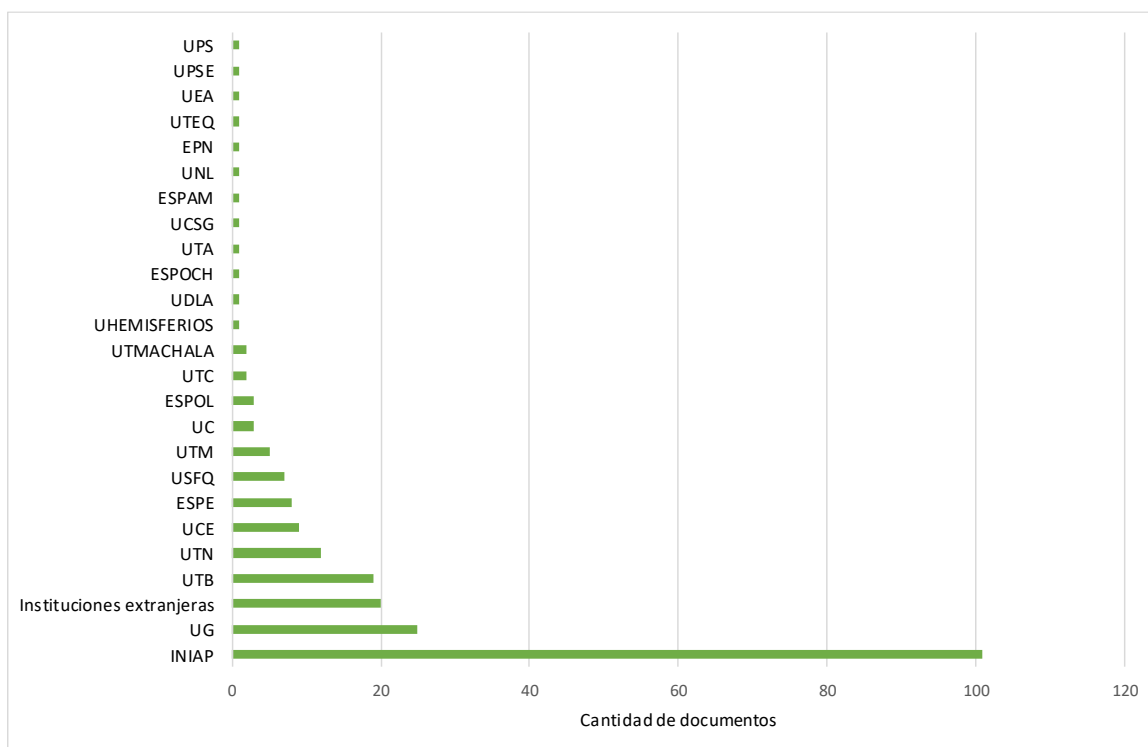
### Generación de la base de datos

Como resultado de la búsqueda inicial de material bibliográfico, relacionado con el mejoramiento de plantas en el Ecuador, se recolectaron aproximadamente 500 documentos en las diferentes bases de datos. Luego del proceso de selección y aplicando los criterios detallados en el capítulo 2 se obtuvo una matriz con la información de 228 documentos. El número de publicaciones se redujo significativamente ya que se encontraron varios documentos duplicados. Esto se debe a que la base de datos de la Biblioteca Digital Ecuatoriana recopila documentos que se encuentran también en los repositorios de las diferentes universidades.

A partir de los datos recolectados en la matriz, se lograron identificar las publicaciones sobre fitomejoramiento de cada institución. Los resultados obtenidos se muestran en la

**Figura 7.****Figura 7.**

*Número de publicaciones sobre fitomejoramiento en cada institución.*



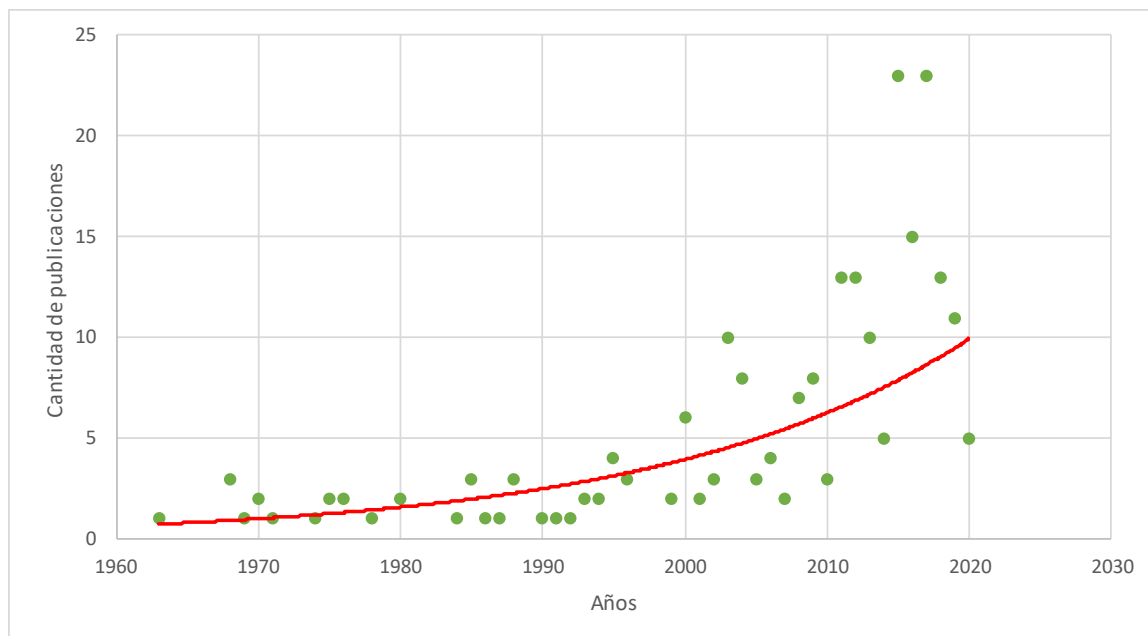
En esta figura se pueden observar al INIAP (Instituto Nacional de Investigaciones Agropecuarias), la Universidad de Guayaquil y a Instituciones extranjeras como las principales productoras de documentos en el área del fitomejoramiento. El INIAP registra 101 documentos lo que representa el 44.3% del total de publicaciones recolectadas en la matriz. Le sigue la Universidad de Guayaquil con 25 publicaciones y finalmente las instituciones extranjeras con 20 publicaciones. En el **¡Error! No se encuentra el origen de la referencia.** se detallan las instituciones extranjeras con las publicaciones que se consideraron para este estudio.

### **Productividad científica en el Ecuador**

A partir de la base de datos se analizaron diferentes indicadores detallados en la metodología del presente estudio (Tabla 5), con el objetivo de evaluar el rendimiento de la producción científica en el Ecuador. En el primer indicador sobre el número total de documentos (PE1), se recopilieron 228 títulos que sirvieron para realizar la distribución anual de la producción científica en el campo del fitomejoramiento (Figura 8).

#### **Figura 8.**

*Distribución anual de la producción científica realizada en el Ecuador referente al fitomejoramiento.*



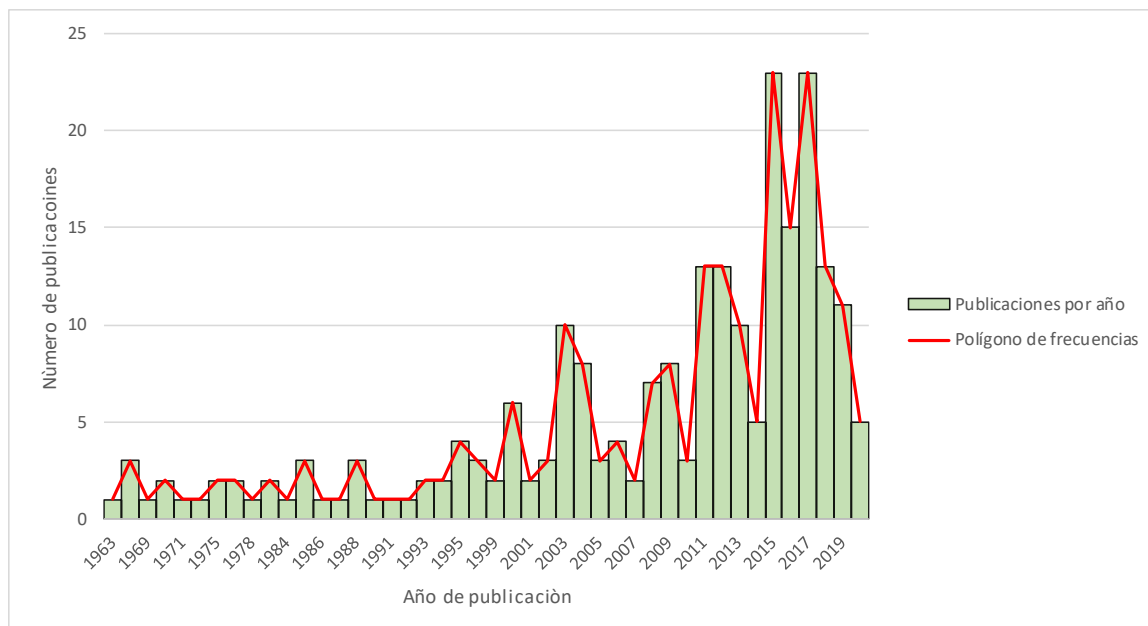
En esta gráfica se puede observar el incremento de la producción científica en el área de fitomejoramiento en el Ecuador con un repunte en los últimos 20 años. El primer registro que evidencia el trabajo en el mejoramiento de plantas es a partir del año 1963. Los datos no muestran un crecimiento significativo hasta mediados de los años 90. Es en esta década donde se evidencia el inicio de un crecimiento exponencial en la cantidad de documentos publicados anualmente.

Con el objetivo de visualizar el número de publicaciones realizadas en cada año, se realizó un histograma y un polígono de frecuencias a partir de la información recolectada en la matriz de datos (Figura 9).

### **Figura 9.**

*Histograma y polígono de frecuencias de las publicaciones que evidencian la producción científica referente al fitomejoramiento en el Ecuador.*



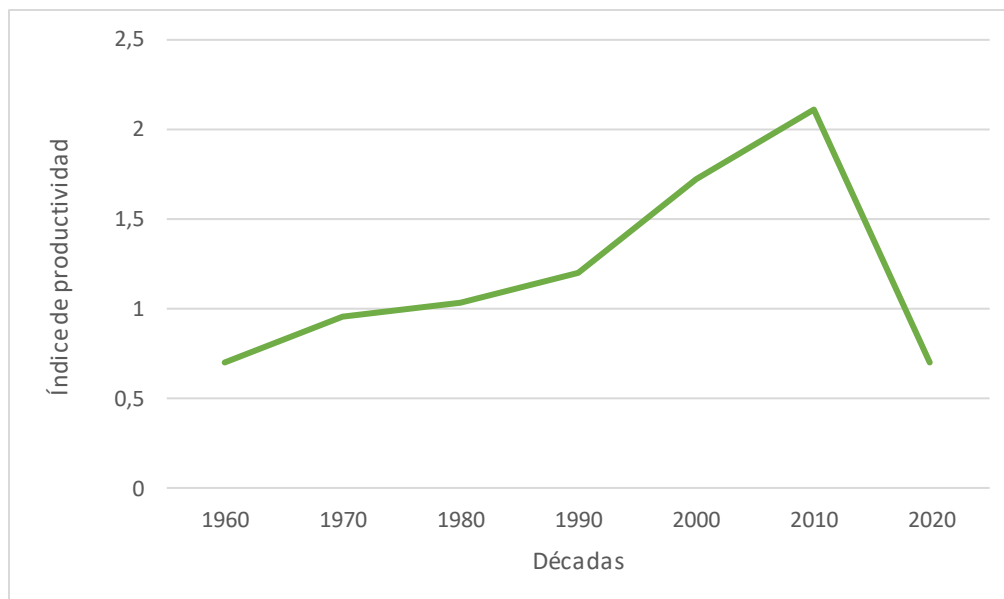


En esta figura se observa que entre los años 1963 y 1999 no hay una diferencia significativa en el número de publicaciones científicas. Sin embargo, a partir del año 2000 se observan picos pronunciados en el polígono de frecuencias, los cuales muestran un crecimiento y decrecimiento cíclico en la producción científica en el país. La mayor cantidad de publicaciones se observan en los años 2015 y 2017 presentando los picos máximos en el polígono de frecuencias. Posiblemente esto se deba a la disponibilidad de fondos para investigación en las diferentes instituciones y al tiempo que lleva desarrollar estos trabajos.

Para identificar como se distribuye la productividad a lo largo de los años, se calculó el Índice de Productividad nacional agrupándolo por décadas. El resultado del análisis se presenta en la Figura 10.

### **Figura 10.**

*Representación gráfica de los índices de productividad por décadas en el Ecuador.*



La gráfica muestra como los índices de productividad varían a medida que pasa el tiempo. Para analizar la información provista en la gráfica, se considera que un índice de productividad es bajo cuando el  $IP=0$ , medio cuando es menor que 1 y alto cuando es mayor a este. Según la Figura 10, en las dos primeras décadas del período analizado se obtuvo un  $IP < 1$ , indicando una productividad media. A partir de los años 80 se convierte en una productividad alta, donde el IP crece hasta llegar a su pico en la década del 2010. Se puede observar una disminución en la última década debido a que únicamente los años 2020 y 2021 fueron analizados en esta evaluación.

Luego de estudiar el índice de productividad, se analizó el indicador que muestra la cantidad y porcentaje de cada tipo de documento (PE3), debido a que se obtuvieron diferentes tipos de publicaciones referentes al fitomejoramiento en el Ecuador. Los diferentes tipos de documentos recolectados en la matriz de datos se especifican en la

Tabla 7.

**Tabla 7.**

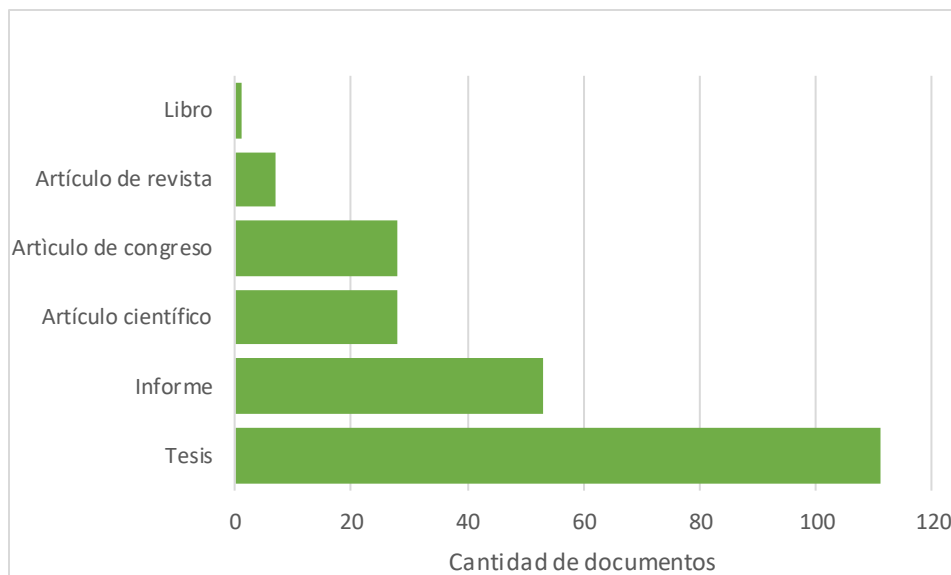
*Número y porcentaje de publicaciones según el tipo de documento.*

<b>Tipo de documento</b>	<b>Cantidad</b>	<b>Porcentaje</b>
<b>Tesis</b>	111	48,68%
<b>Informe</b>	53	23,25%
<b>Artículo científico</b>	28	12,28%
<b>Artículo de congreso</b>	28	12,28%
<b>Artículo de revista</b>	7	3,07%
<b>Libro</b>	1	0,44%
<b>TOTAL</b>	228	

Para facilitar la visualización de los diferentes tipos de documentos como tesis, informes, artículos científicos, artículos de congreso, artículos de revistas y libros, se representaron los resultados en la

**Figura 11.****Figura 11.**

*Cantidad de publicaciones por cada tipo de documento*



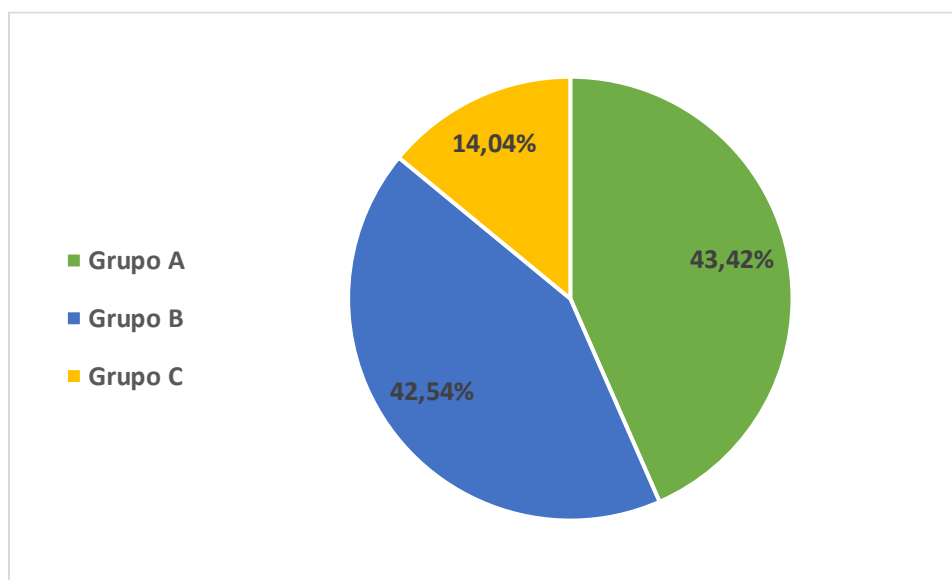
Se puede observar que la mayoría de documentos publicados, referentes al fitomejoramiento, son tesis de grado realizadas por estudiantes para obtener un grado académico. En el presente estudio se contabilizaron 111 tesis, que corresponden al 48% de todos los títulos incluidos en la matriz. Por otro lado, los artículos científicos publicados en revistas representan tan solo el 3% de todos los documentos recolectados. Estos datos pueden indicar el estado de la producción científica en el país.

Entre los documentos que se recolectaron en la matriz, se identificaron diferentes tipos de investigaciones dentro del área del fitomejoramiento. Se categorizaron los documentos en tres grupos para cumplir con el indicador PE4. El grupo A incluye los estudios previos a la ejecución de un programa de fitomejoramiento como evaluación de rasgos de interés, selección de líneas provisorias, entre otros. En el grupo B se incluyeron los estudios de mejoramiento tradicional incluyendo estudios participativos. En el grupo C se incorporaron investigaciones que utilizan marcadores

moleculares para asistir al fitomejoramiento. Se contabilizó y calculó el porcentaje de los documentos en cada categoría, como se muestra en la Figura 12.

**Figura 12.**

*Porcentaje de documentos en las diferentes etapas de investigación. Grupo A: estudios previos, grupo B: programas de mejoramiento tradicional, grupo C: mejoramiento asistido por marcadores.*



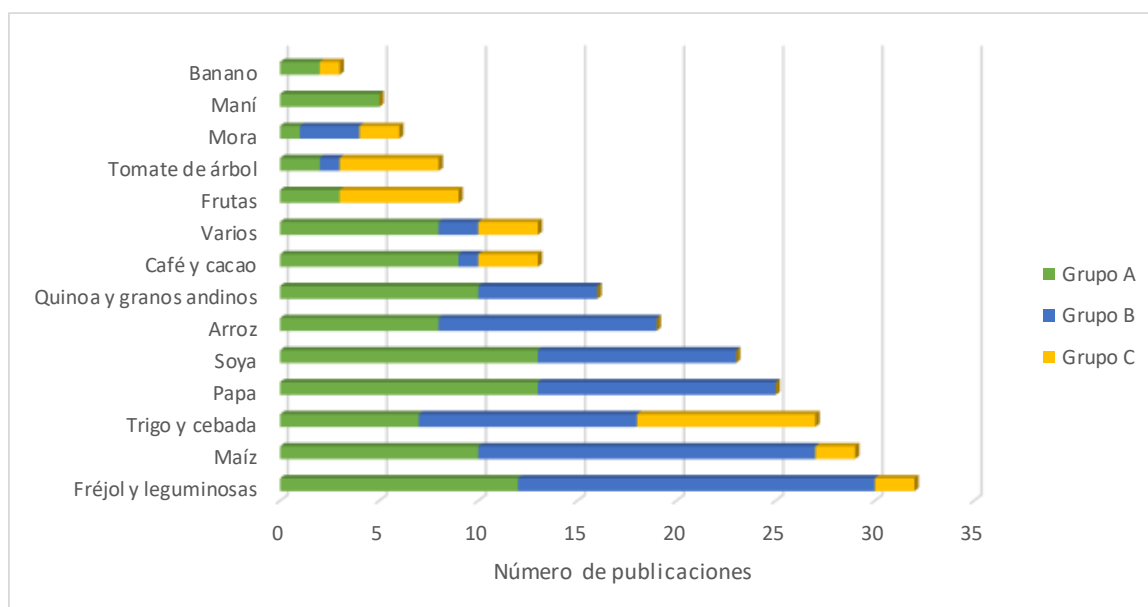
En esta figura se observa como la mayoría de las investigaciones se encuentran en las dos primeras categorías descritas. Siendo así que tan solo un 14% de la investigación realizada en el área utiliza marcadores moleculares para asistir a programas de fitomejoramiento. Esta es una consideración importante, ya que el uso de marcadores moleculares hace una gran diferencia en el tiempo que se puede generar una variedad mejorada.

### Principales cultivos mejorados

Al analizar la base de datos se logró identificar los cultivos en los que se está realizando fitomejoramiento en el Ecuador. En las publicaciones realizadas en el país se identificaron 26 cultivos, sin embargo 13 de estos cultivos presentaron una única publicación por los que se los agrupó en la categoría “Varios”. La distribución de las publicaciones por cada cultivo se representa en la Figura 13.

**Figura 13.**

*Cultivos en los que se realiza el fitomejoramiento en el Ecuador y categorías en las que se distribuyen. Grupo A: estudios previos, grupo B: programas de mejoramiento tradicional, grupo C: mejoramiento asistido por marcadores.*



En esta gráfica se puede evidenciar los cultivos sobre los que se ejecutan los principales programas de mejoramiento en el Ecuador. Los trabajos en fréjol y leguminosas representan el 14% de todas las investigaciones consideradas. Le sigue el

maíz con un 12.7%, trigo y cebada con un 11.8%, la papa con un 11% y finalmente la soya con un 10% de las publicaciones.

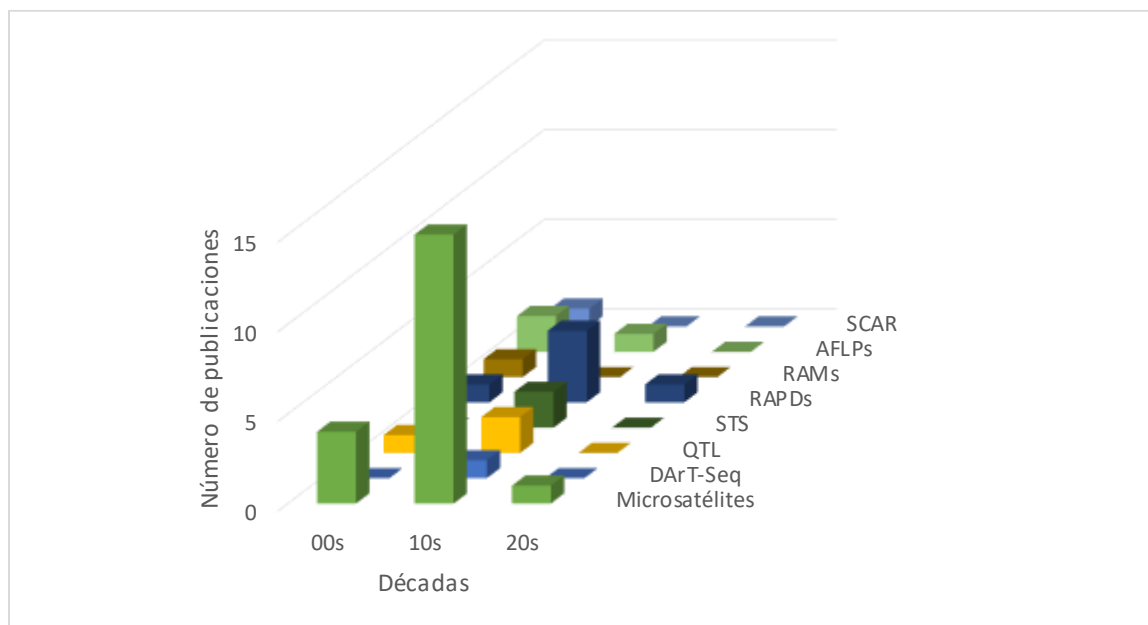
En la gráfica también se observa las categorías del indicador PE4 en cada cultivo. Se puede recalcar que en todos los cultivos se presentan estudios previos (grupo A). Por otro lado, los cultivos que registran más publicaciones en las 3 categorías son maíz, trigo y cebada. En el cultivo de fréjol y leguminosas, que es el más representativo en cuanto a fitomejoramiento, tan solo 2 investigaciones usaron marcadores moleculares para asistir el mejoramiento. En los cultivos de papa, soya, arroz y quinoa, a pesar de que se encuentran entre los principales cultivos con planes de mejora, tampoco se evidencia el uso de marcadores moleculares.

#### **Uso de marcadores moleculares en el país**

Con el indicador PE4 se calculó que tan solo el 14% de las investigaciones en el área de fitomejoramiento en el Ecuador utilizan marcadores moleculares. Este porcentaje está representado por 32 publicaciones en las que se utilizan 8 diferentes marcadores moleculares entre ellos, Microsatélites, QTL, RAPDs, AFLPs, DArT-Seq, RAMs, STS Y SCAR. Con la información recolectada en la matriz de datos se analizó cómo ha evolucionado el uso de marcadores moleculares como una herramienta para asistir el fitomejoramiento. En el presente estudio se analizaron documentos desde 1963, sin embargo, solo desde el 2001 se encontraron investigaciones que usaron marcadores moleculares.

**Figura 14.**

Marcadores moleculares empleados en el fitomejoramiento en Ecuador durante las últimas décadas.



La

**Figura 14** muestra el uso de los marcadores moleculares que se registraron en la matriz de datos a partir de los años 2000. La gráfica evidencia un aumento en el uso de estas herramientas a través del tiempo, siendo la década del 2010 en la que se nota un crecimiento en el uso de los marcadores moleculares. Los microsatélites resultaron ser la herramienta más comúnmente usada, habiendo encontrado en el presente estudio 21 publicaciones que los utilizan para asistir programas de fitomejoramiento.



## Capítulo 4: Discusión

### Producción científica en el Ecuador

El objetivo de la presente investigación es determinar la producción científica, en el área de fitomejoramiento, que ha generado el país. Como resultado de la búsqueda bibliográfica se obtuvo una matriz de datos que sirvió para analizar el trabajo científico realizado en el Ecuador mediante indicadores bibliométricos.

Se recopilaron 228 documentos científicos a partir de diferentes bases de datos, lo que muestra el trabajo de investigación que se ha realizado en el ámbito de fitomejoramiento. Esto evidencia el interés de las instituciones ecuatorianas y sus investigadores, en generar cultivos mejorados que potencien la industria agrícola ecuatoriana. La agricultura aporta el 9.63% del PIB nacional, siendo el cuarto sector económico más importante del país (Sánchez, *et al.*, 2020), por lo que el crecimiento de esta industria podrá incrementar el desarrollo económico del Ecuador.

En el presente estudio, se observó que entre los años 1963 y 1999 no hubo un número significativo de publicaciones científicas. Posiblemente esto se deba a que hasta la década de los setenta el objetivo fundamental de las universidades ecuatorianas era la docencia, dejando de lado el componente investigativo. No fue hasta la década de los ochenta, cuando se creó el Consejo Nacional de Universidades y Escuelas Politécnicas, que se destinó un porcentaje del presupuesto nacional a la investigación. Sin embargo, en esta época no se lograron equilibrar las actividades

entre el trabajo de investigación y docencia en las instituciones de educación superior. En los años 90 se intentó continuar con la promoción del trabajo científico, no obstante, la asignación ocasional de fondos para la investigación a las universidades impidió alcanzar los resultados esperados (Rivera, *et al.*, 2017).

A partir del año 2000, el número de documentos que evidencian la producción científica en el país aumentó, lo que coincide con la creación de la Ley de Educación Superior y el Consejo Nacional de Educación Superior (Ramírez, 2012). A pesar del aumento en el número de publicaciones, el crecimiento en la productividad científica del país fue irregular. Esto se puede atribuir a la falta de disponibilidad de fondos para la investigación científica. Según datos reportados por Espín en el año 2020, la inversión en investigación y desarrollo constituyó apenas el 0.47% del PIB nacional, lo que indica que no se cumple con la inversión mínima que exige el Código Orgánico de la Economía Social del Conocimiento, la Creatividad y la Innovación (denominado INGENIOS), el cual es equivalente al 0.55% del PIB (Senescyt, 2015).

Al analizar el resultado de la matriz sobre los diferentes tipos de documentos (tesis, informes, artículos científicos, artículos de congreso, artículos de revistas y libros) se observó que el 48% de la producción científica nacional correspondía a tesis de grado, mientras que el 3% de la producción correspondía a artículos científicos. Estos datos indican posiblemente la dificultad en la publicación de artículos científicos por la rigurosidad que conlleva, ya que, para remitir un manuscrito a una revista científica, la investigación debe cumplir con ciertos estándares que garanticen la relevancia y actualidad del tema (Luciani & Morillo, 2019). A pesar que las tesis de grado constituyen una forma de generación de conocimiento científico dentro de las universidades, no son consideradas por la mayoría de servicios bibliográficos en bases de datos internacionales (Mari, 2010). Esto no ocurre exclusivamente en centros académicos

sino también en institutos y centros de investigación. Esto se puede evidenciar en el caso del INIAP, que es la institución con mayor número de publicaciones en el campo del fitomejoramiento. Sin embargo, el 43% de estas publicaciones son boletines informativos internos. El INIAP ha desarrollado 214 variedades en 36 especies vegetales (INIAP, 2015), lo que evidencia que hay investigación científica en el país, a pesar de que solo se han reportado 25 artículos científicos. Por esta razón, los resultados más importantes de las tesis y boletines deberían ser publicados en revistas científicas para lograr una mayor difusión a nivel local, regional e internacional.

### **Marcadores moleculares en el fitomejoramiento**

Al analizar la matriz de datos se encontraron diferentes tipos de investigaciones, las mismas que se categorizaron en tres grupos. El primer grupo (A) constituye los estudios previos como evaluaciones de rasgos de interés y selección de líneas provisionarias, con 99 documentos. En el segundo grupo (B) se incluyeron investigaciones que llevaron a cabo planes de mejoramiento tradicionales, con 97 de los documentos. Por último, el tercer grupo (C) donde se incluyeron los estudios de marcadores moleculares para asistir el mejoramiento con 32 documentos de todas las investigaciones consideradas en el presente estudio.

De acuerdo con lo obtenido en el presente estudio, el 86% de la investigación científica desarrollada en el país (grupos A y B) coincide con las etapas descritas por INIAP para el desarrollo de variedades mejoradas. Se inicia con la colección de especies, donde se realiza la búsqueda del material genético disponible en el país, con la finalidad de aprovechar las características de las variedades nativas. Luego se procede con ensayos internacionales, en los cuales se incorpora material extranjero que exhiba buenas características y cualidades de adaptación a nuestras condiciones ecológicas. Finaliza con los bloques de cruzamiento, la selección de líneas segregantes,

los ensayos de rendimiento, la multiplicación de semilla y la evaluación de las características de la variedad (Tufiño, 1982).

Los resultados de esta investigación indican que a pesar de que se llevan a cabo planes de mejoramiento, el enfoque general se centra en el fitomejoramiento tradicional. Este tipo de mejoramiento se basa en la selección de rasgos favorables, una práctica que se lleva a cabo desde el principio de la agricultura y aunque el proceso actualmente es más sofisticado, se basa principalmente en observaciones de campo (Ribaut & Hoisington, 1998). En la actualidad se deberían implementar nuevas tecnologías que faciliten el desarrollo de estrategias y metodologías para optimizar el mejoramiento de plantas.

En el presente estudio se identificaron 32 publicaciones que utilizaron marcadores moleculares, de 228 en total. El uso de estas herramientas puede mejorar la eficiencia de los programas de mejoramiento ya que la selección de los rasgos diana se puede lograr indirectamente utilizando marcadores moleculares que están estrechamente vinculados a genes subyacentes (Xu & Crouch, 2008).

Entre los marcadores moleculares identificados se encuentran Microsatélites, QTL, RAPDs, AFLPs, DArT-Seq, RAMs, STS y SCAR. Los resultados del análisis de los datos indican que los microsatélites son utilizados con mayor frecuencia en el período analizado. Esto coincide con la información que expone Gonçalves-Vidiga & Rubiano (2011) en su investigación donde explica que los microsatélites son ideales para el fitomejoramiento ya que presentan altos niveles de polimorfismo, herencia codominante, multiallelismo, patrones mendelianos y buena cobertura en el genoma, además de que aparecen con mucha frecuencia en plantas.

### **Principales cultivos mejorados**

Al analizar la base de datos se identificaron los cultivos en los que se están llevando a cabo programas de mejoramiento en el Ecuador. Los principales cultivos mejorados son el fréjol, maíz, trigo, cebada, papa y soya.

En relación al fréjol y leguminosas se encontró que el 14% de las publicaciones recopiladas pertenecían a este cultivo. La cantidad de investigaciones realizadas en el fréjol se acredita a la alta demanda de este grano, por su rápido crecimiento y alto contenido proteico. Este cultivo constituye una de las principales fuentes de alimento para los ecuatorianos, sobre todo para la población con menos recursos económicos (Unigarro, 2013). En el Ecuador, se han generado 16 variedades mejoradas de fréjol considerando características como la resistencia total, intermedia o múltiple a las principales enfermedades causadas por hongos, además de características como adaptabilidad, rendimiento por hectárea, vigor, carga, color, tamaño y peso del grano (Peralta, *et al.*, 2014). Según Graham y Ranalli (1997) el mayor progreso en el cultivo del fréjol se observa en el mejoramiento para la resistencia a enfermedades, insectos y contenido nutricional.

El maíz es otro de los cultivos mejorados, constituyendo el 12.7% de los estudios recopilados en la matriz. Estos resultados son justificados, ya que el maíz no solo es importante para la soberanía alimentaria de los ecuatorianos, sino que también está asociado a un factor cultural, social y económico, por lo que presenta un gran interés en el sector agrícola del país (Baca, 2016). La implementación de programas de mejoramiento del maíz, por parte del INIAP ha sido necesaria para satisfacer la demanda del cultivo debido a las diferentes condiciones climáticas y ecológicas que han reducido la productividad de este cultivo a nivel nacional (Galarza, 2016).

Otros programas de mejoramiento que se llevan a cabo en el país (INIAP) son los del cultivo de Cebada y Trigo, que busca incorporar resistencia a enfermedades como la roya amarilla en el trigo y la roya de hoja en la cebada (Rivadeneria & Ponce, 2003). Estos programas de mejoramiento representan el 11.8% de las publicaciones que se analizaron en este estudio.

La papa es otro cultivo importante para programas de mejoramiento. Este cultivo constituyó el 11% de los documentos analizados. En el Ecuador se cuenta con una gran diversidad genética de papa lo que permite tener un recurso genético importante para planes de mejoramiento de este cultivo. Se estiman unas 200 especies silvestres en el género *Solanum* lo que permite tener un banco de germoplasma para futuros trabajos de investigación (Cuesta, *et al.*, 2015).

Finalmente, los trabajos realizados en soya representaron el 10% de las publicaciones en la matriz. Estos resultados pueden deberse al incremento de la demanda por este cultivo. La soya es un cultivo de gran importancia agroindustrial ya que tiene un alto contenido proteico y graso medio. Se consume no solo para la alimentación humana, sino también para producir balanceado para el ganado, principalmente avícola y porcino (Vergara, *et al.*, 2016). Esto ha llevado a incrementar la investigación a nivel nacional. El INIAP ha desarrollado planes de mejoramiento estudiando las variedades de soya introducidas y generando nuevas variedades que se adapten a las condiciones climáticas y ecológicas del Ecuador (Calero, *et al.*, 1975).

## Capítulo 5: Conclusiones

- Se logró generar una base de datos de 228 publicaciones a partir de diferentes centros de investigación referente al fitomejoramiento en Ecuador.
- El repositorio del Instituto Nacional de Investigaciones Agropecuarias (INIAP) fue la mejor base de datos que recopila información sobre los programas de mejoramiento de cultivos que se llevan a cabo en el país.
- La investigación en el área de fitomejoramiento tuvo un crecimiento significativo a nivel nacional a partir de la década de los 90, posiblemente debido al apoyo económico y la implementación de la investigación en las universidades.
- La mayor parte de la investigación científica referente al mejoramiento de plantas se encuentra en las tesis de grado (48% de los documentos), mientras que los artículos científicos representan únicamente el 3% de los documentos analizados.
- La investigación científica enfocada en el fitomejoramiento se centra en programas de mejoramiento tradicional. El 43% de los documentos son investigaciones previas al desarrollo de una variedad mejorada, el 43% lo componen las investigaciones con mejoramiento tradicional y el 14% de los documentos registran el uso de marcadores moleculares para asistir el mejoramiento.
- La mayoría de los trabajos de fitomejoramiento a nivel nacional se centran en cultivos de importancia alimenticia y económica como el fréjol, maíz, trigo, cebada, papa, soya, arroz y granos andinos.

- En relación a las técnicas de mejoramiento de plantas, los microsatélites son los marcadores moleculares más utilizados para planes de fitomejoramiento en el Ecuador.



## Capítulo 6: Recomendaciones

- Se recomienda a las instituciones de educación superior actualizar la información de sus plataformas de bases de datos para facilitar el acceso al público y a los investigadores a los trabajos de investigación científica.
- Es importante que las universidades promuevan la publicación de artículos científicos a partir de la investigación que realizan los estudiantes en sus tesis de grado, para difundir la investigación que se realiza en el Ecuador.
- Es necesario además que las instituciones de gobierno fomenten y apoyen la publicación de artículos científicos, para elevar el nivel de la investigación científica en el país.
- En las instituciones o centros de investigación se debería incrementar el uso de marcadores moleculares para asistir programas de fitomejoramiento, ya que así se acorta el tiempo de desarrollo de variedades mejoradas.

## Bibliografía

- Allard, R. W. (1999). Principles of Plant Breeding. En R. Allard, *Principles of Plant Breeding* (pág. 264). New York: John Wiley & Sons, Inc.
- Arif, I., Bakir, M., Khan, H., & Shobrak, M. (2010). A Brief Review of Molecular Techniques to Assess Plant Diversity. *International Journal of Molecular Sciences*, 79-96.
- Azhar Nadeem, M., Amjad Nawaz, M., Qasim Shahid, M., Doğan, Y., Comertpay, G., Yıldız, M., . . . Shehzad Baloch, F. (2017). DNA molecular markers in plant breeding: current status and recent advancements in genomic selection and genome editing. *Agriculture and Environmental Biotechnology*, 261-285.
- Baca, L. (Julio de 2016). La producción de maíz amarillo en el Ecuador y su relación con la soberanía alimentaria. Quito, Pichincha, Ecuador: Pontificia Universidad Católica del Ecuador.
- Banco Mundial. (2019). *World Bank Group*. Obtenido de <https://data.worldbank.org/indicator/NV.AGR.TOTL.ZS?end=2019&start=1960&view=map&year=2019>
- Bordons, M., & Zulueta, M. Á. (1999). Evaluación de la actividad científica a través de indicadores bibliométricos. *Revista Española de Cardiología*, 790-800.
- Borém, A., Guimaraes, E., Federizzi, L., & José, F. (2002). From Mendel to genomics, plant breeding milestones: a review. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 649-658.
- Camps, D. (2008). Limitaciones de los indicadores bibliométricos en la evaluación de la actividad científica biomédica. *Colombia Médica*, 74-79.

- Chacón, M. (2010). DARWIN Y LA DOMESTICACIÓN DE PLANTAS EN LAS AMÉRICAS: EL CASO DEL MAÍZ Y EL FRÍJOL. *Acta Biológica Colombiana*, 351-364.
- Chatterjee, S., & Raval, I. H. (2019). Pathogenic Microbial Genetic Diversity with Reference to Health. En *Microbial Diversity in the Genomic Era* (págs. 559-577). Elsevier.
- Collar, B., & Mackill, D. (2008). Marker-assisted selection: an approach for precision plant breeding in the twenty-first century. *Royal Society B: Biological Sciences.*, 557-572.
- Escorcía, T. (2008). El análisis bibliométrico como herramienta para el seguimiento de publicaciones científicas, tesis y trabajos de grado. Bogotá D. C.: Pontificia Universidad Javeriana.
- Espín, E. (11 de Octubre de 2020). Ciencia y tecnología: sin presupuesto, con menos investigación y con poca regulación. Quito, Pichincha, Ecuador.
- Espinoza, E., Lioo, F., & Villanueva, G. (2018). Análisis bibliométrico de las publicaciones peruanas relacionadas a resistencia antimicrobiana en SCOPUS (1992-2017). *Horizonte Médico*, 75-80.
- Galarza, M. (1986). *Perfil para el mejoramiento genético del maíz en el Ecuador*. Quito: INIAP.
- Gonçalves-Vidiga, M. C., & Rubiano, L. (2011). Development and application of microsatellites in plant. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 66-72.
- Grover, A., & Sharma, P. (2014). Development and use of molecular markers: past and present. *Critical Reviews in Biotechnology*, 290–302.

- INIAP. (2015). *Informe de actividades del Programa de fortalecimiento institucional*. Quito: Instituto Nacional de Investigaciones Agropecuarias.
- Janick, J. (1997). *Plant Breeding Reviews*. New York: John Wiley & Sons, Inc.
- Kumar, L. (1999). DNA markers in plant improvement: An overview. *Biotechnology Advances*, 143-182.
- Lee, M. (1998). Genome, projects and gene pools, new germplasm for plant breeding? *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 2001-2001.
- Luciani, L., & Morillo, M. (2019). Retos de los artículos científicos: bases para su elaboración y presentación. *Conrado (online)*, 121-132.
- Mackill, D., & Ni, J. (2008). Molecular mapping and marker-assisted selection for major-gene traits in rice. *Rice Genetics IV*, 137-151.
- Mari, J. A. (2010). *Manual de redacción científica*. Mérida: Universidad de los Andes.
- Mohler, V., & Singrün, C. (2004). General Considerations: Marker-Assisted Selection. Molecular Marker Systems in Plant Breeding and Crop Improvement. En L. H., & W. G. (eds), *Biotechnology in Agriculture and Forestry* (págs. 305-317). Berlín: Springer.
- Paun, O., & Schönswetter, P. (2012). Amplified Fragment Length Polymorphism (AFLP) - an invaluable fingerprinting technique for genomic, transcriptomic and epigenetic studies. *Methods in Molecular Biology*, 75-87.
- Peralta, E., Mazón, N., Murillo, A., & Pinzón, J. (2012). Línea del tiempo. Mejoramiento genético del fréjol común (*Phaseolus vulgaris* L.) en Ecuador. Quito, Ecuador: INIAP, Estación Experimental Santa Catalina, Programa Nacional de Leguminosas y Granos Andinos, 2012.

- Priyadarshan, P. (2019). *Plant Breeding: Classical to Modern*. Singapore: Springer.
- Ramírez, R. (2012). Transformar la universidad para transformar la sociedad. En R. Ramírez, *Transformar la universidad para transformar la sociedad* (págs. 7-26). Quito: Senescyt.
- Ribaut, J., & Hoisington, D. (1998). Marker-assisted selection: new tools and strategies. *Trends in Plant Science*, 236-239.
- Ribaut, J.-M., & Betrán, J. (1999). Single large-scale marker-assisted selection (SLS-MAS). *Molecular Breeding*, 531-541.
- Rivadeneria, M., & Ponce, L. (2003). *Mejoramiento genético de cebada y trigo en Ecuador*. Quito: INIAP.
- Sánchez, A. M., Vayas, T., Fernando, M., & Freire, C. (2020). *Red CEDIA*. Obtenido de Blogs CEDIA: <https://blogs.cedia.org.ec/obest/wp-content/uploads/sites/7/2020/06/Diagn%C3%B3stico-sector-agr%C3%ADcola-Ecuador.pdf>
- Schulthess, A., & Schwember, A. R. (2013). Improving durum wheat (*Triticum turgidum* L. var durum) grain yellow pigment content through plant breeding. *Ciencia e Investigación agraria*, 475-490.
- Semagn, K., Bjørnstad, Å., & Ndjiondjop, M. N. (2006). An overview of molecular marker methods for plants. *African Journal of Biotechnology*, 25-68.
- Senescyt, Secretaría de Educación Superior, Ciencia, Tecnología e Innovación. (28 de Mayo de 2015). El Código INGENIOS garantizará el equivalente al 0,55% del PIB a Ciencia, Tecnología e Innovación. Quito, Pichincha, Ecuador.

- Singh, D. P., Singh, A., & Singh, A. (2021). *Plant Breeding and cultivar development*. Londres: Academic Press.
- Tufiño, I. (1982). *¿Cómo INIAP desarrolla sus variedades mejoradas?* Instituto Nacional de Investigaciones Agropecuarias, Departamento de comunicación del INIAP. Quito: INIAP.
- Unigarro, M. (2013). Evaluación del control químico de la Antracnosis (*Colletotrichum lindenthianum*) en el cultivo de fréjol (*Phaseolus vulgaris* L.) variedad – Toa en la zona de Cahuasquí Provincia de Imbabura. Babahoyo: Universidad Técnica de Babahoyo.
- Vuylsteke, M., Peleman, J., & Van Eijk, M. (2007). AFLP technology for DNA fingerprinting. *Nature Protocols*, 1387-1398.
- Xu, Y., & Crouch, J. (2008). Marker-Assisted Selection in Plant Breeding: From Publications to practice. *Crop Science* , 391-407.
- Xu, Y., & Crouch, J. (2008). Marker-Assisted Selection in Plant Breeding: From Publications to Practice. *Crop Science Society of America*, 391-407.