GAYANA BOTANICA Gayana (2026) vol. 83, No. 1, 24-30

https://doi.org/10.4067/s0717-6643202600010024

Research Article

Estudio citogenético de la variedad ecotípica del maíz de Calama, norte de Chile

Cytogenetic study of the ecotypic variety of maize from Calama, northern Chile

Oscar Mendoza Olivares[1,*], Yessica Rivas Tisnao[2], Jaime Soto Quiroga[1], David Fábrega Tapia[1] & María Paz Jofre[2]

[1]COADAN, Departamento de Genética y Biología Molecular, Antofagasta, Chile.
[2]Universidad Adventista de Chile, Facultad de Ingeniería y Negocios, Chillán, Ñuble, Chile.
*Corresponding author: omendoza.coadan@educacionadventista.cl

RESUMEN

La variedad ecotípica de maíz de Calama, conocido como "choclo calameño", se cultiva en los alrededores de la ciudad altiplánica de Calama, a una altitud de 2.400 m s.n.m., en el norte de Chile. Sin embargo, factores como la expansión urbana, la disminución del caudal del río Loa y la venta de terrenos agrícolas han reducido drásticamente su cultivo, situando esta variedad al borde de la extinción. Actualmente no se dispone de información citogenética sobre este maíz, lo cual es esencial para su conservación y mejoramiento genético. Por ello, el objetivo de esta investigación fue caracterizar la estructura y el número de sus cromosomas. El estudio citogenetico determinó que el número cromosómico es de 2n = 20, con la siguiente fórmula cariotípica: 5M + 4SM + 1SM/SAT. Estos resultados constituyen una base fundamental para comprender aspectos de su genoma y aplicarlos al mejoramiento genético de esta variedad. Asimismo, el estudio destaca la importancia del maíz de Calama como recurso ecotípico de valor económico y social.

Palabras clave: carioidiograma, cariotipo, cromosoma, diploide, fenotipo.

ABSTRACT

The ecotypic variety of maize from Calama, known as "choclo calameño," is cultivated in the surroundings of the highland city of Calama at an altitude of 2,400 m a.s.l. in northern Chile. However, factors such as urban expansion, the reduced flow of the Loa River, and the sale of agricultural land have drastically decreased its cultivation, placing this variety at risk of extinction. Currently, no cytogenetic information is available for this maize, which is essential for its conservation and genetic improvement. Therefore, the objective of this study was to characterize the structure and number of its chromosomes. Cytogenetic analysis determined a chromosome number of 2n = 20, with the following karyotypic formula: 5M + 4SM + 1SM/SAT. These results provide a fundamental basis for understanding aspects of its genome and applying this knowledge to the genetic improvement of the variety. Furthermore, the study highlights the importance of Calama maize as biological heritage and as an ecotypic resource with economic and social value.

Keywords: chromosome, diploid, karyodiagram, karyotype, phenotype.

Editor: Alicia Marticorena
Received: 03.03.2025; Accepted: 12.03.2026

Open Access

©2026 The Author(s). This open access article is distributed under the terms of the Creative Commons Attribution-NonCommercial 4.0 International License (CC BY-NC 4.0), which permits any noncommercial use, distribution, and reproduction, as long as appropriate credit is given to the original author(s) and the source.

INTRODUCCIÓN

El maíz (*Zea mays* L., Poaceae*)* es una especie angiosperma monocotiledónea de origen mesoamericano, ampliamente reconocida por su relevancia económica y nutricional. Su domesticación, ocurrida aproximadamente hace 9.000 años, marcó un hito en la historia de la agricultura precolombina. El centro de origen y diversificación genética del maíz se ubica en México, donde se han identificado al menos 225 razas cultivadas, lo que refleja su gran variabilidad fenotípica y genotípica (Vavilov 1931, Ortega 2003, Engels *et al.* 2006).

En la zona norte de Chile, específicamente en la ciudad de Calama, capital de la provincia del Loa, se cultiva una variedad única conocida coloquialmente como "choclo calameño". Este maíz está profundamente arraigado en las comunidades locales, especialmente en el pueblo de Chiu-Chiu. Presenta características fenotípicas distintivas, como su sabor dulce, granos blancos y lechosos, y mazorcas con un raquis de 12 a 18 centímetros de largo. Además, posee un ciclo de cultivo más corto en comparación con otras variedades, iniciando su siembra en octubre y alcanzando la cosecha en febrero. Estas particularidades fenotípicas y fisiológicas son resultado de su adaptación a condiciones ambientales extremas, como temperaturas fluctuantes, baja humedad, gran altitud geográfica (aproximadamente 2.400 m s.n.m.), aguas salobres del río Loa y suelos desafiantes con altos contenidos de boro, arsénico y sodio. Tales condiciones han llevado a clasificar al "choclo calameño" como un ecotipo local. Anderson (1943) describió, desde una perspectiva morfológica, tres variedades de maíz en la ribera del río Loa, de las cuales una correspondería al maíz de Calama. Estas variedades aún presentes en la zona, son resultados de un proceso de adaptación y resistencia, convirtiéndolas en un recurso fundamental para programas de mejoramiento genético. Este germoplasma ofrece líneas específicas de genes que no se encuentran en variedades comerciales, y puede ser clave para enfrentar desafíos como el cambio climático y la sostenibilidad agrícola (Paratori 1983, Esquinas 2005).

En las últimas décadas, los avances en citogenética vegetal y biología molecular han sido cruciales para el estudio de especies vegetales. Estas herramientas han permitido determinar el número y la morfología de los complementos cromosómicos en diversas variedades, generando aportes significativos en la comprensión de mecanismos de aislamiento reproductivo, la especiación y la clarificación del origen de híbridos naturales y variedades cultivadas. Estos estudios no solo contribuyen al entendimiento de la evolución de las plantas, sino que también ofrecen fundamentos para estrategias de conservación y mejoramiento genético. Estudios citogenéticos realizados en el género *Zea mays* en otros países han empleado técnicas avanzadas como la FISH (Hibridación in situ fluorescente). Estas han permitido identificar marcadores específicos de ADN asociados a cromosomas en estadios meióticos (paquiteno) y mitóticos (metafase), aportando información clave sobre la diversidad de razas cultivadas y contribuyendo significativamente al conocimiento del genoma del maíz (Chen *et al.* 2000, Sadder & Weber 2001, Albert *et al*. 2010, Figueroa & Bass 2012, Mondin *et al.* 2014, Lough *et al.* 2015, Silva *et al.* 2018)

Por otro lado, los estudios citogenéticos clásicos en el género *Zea*, tanto en especies nativas como en híbridos, han establecido que todos los maíces presentan un número diploide de 2n = 20 cromosomas (Hernández & Alanís 1980, Sachan & Sarkar 1985)

A pesar de estos avances, no existen registros específicos sobre el análisis citogenético del maíz calameño que determinen la cantidad y caracterización de la morfología del cariotipo. Paratori *et al* (1990) describieron la morfología de 920 maíces en el país. En la ciudad de Calama, identificaron dos tipos: uno de grano blanco y otro de grano amarillo, ambos carentes de una clasificación genética detallada. De acuerdo con los antecedentes presentados, el objetivo de esta investigación es caracterizar el número y morfología de sus cromosomas, siguiendo el método de clasificación de Levan *et al.* (1964).

METODOLOGÍA

La preparación de las placas metafásicas se llevó a cabo en el laboratorio de genética y biología molecular del Colegio Adventista de Antofagasta (COADAN), siguiendo el protocolo modificado de García (1990), con algunas modificaciones. Las semillas fueron recolectadas en la localidad de Chiu-Chiu, ubicada en la segunda región de Antofagasta (22º 28' S, 68º 54' O) a 2525 m s.n.m. La germinación de las semillas se realizó en cápsulas de Petri, utilizando papel filtro y agua destilada estéril a temperatura ambiente y bajo luz natural, manteniendo la humedad diariamente. Después de 3 a 4 días, cuando

emergió la radícula, las cápsulas se colocaron en oscuridad para inducir el crecimiento del ápice caulinar. Para obtener las placas mitóticas los ápices se cortaron a una longitud de 5 a 7 mm (meristemo apical) para el pretratamiento. Estos se depositaron en tubos Eppendorf, a los que se les añadió una solución de colchicina al 0,25%, manteniéndolos a temperatura ambiente y en oscuridad durante 2 horas. Posteriormente, los ápices fueron transferidos a una solución fijadora Carnoy (metanol y ácido acético en proporción de 3:1 v/v) durante 10 minutos a 4°C.

Para romper las paredes celulares del tejido meristemático se utilizó HCl al 37% durante 11 minutos. Posteriormente, el contenido fue transferido a tubos Eppendorf con agua destilada para inducir hipotonía celular. Finalmente, los ápices caulinares se tiñeron con orceína acética al 1% para proceder al aplastamiento de los tejidos. Los preparados fueron sellados con Entellan y observados bajo dos microscopios: uno binocular marca Boeco (Alemania) y otro trinocular marca Euromex (Holanda). Los registros fotográficos se realizaron con una cámara Euromex (Holanda) de 5 MP y sensor CMOS color, utilizando el objetivo 100X.

Las imágenes de los cromosomas en metafase (Fig. 1) fueron recortadas digitalmente. Para determinar los parámetros del cariotipo se midieron los brazos cortos y los brazos largos. Se calculó la longitud relativa total (LT%) de cada par de cromosomas (LBC%, LBL%) (Tabla 1), expresada como porcentaje de la longitud total del conjunto haploide. La clasificación cromosómica se determinó bajo el índice centromérico (IC) propuesto por Levan *et al.* (1964) (brazo corto/longitud cromosómica total × 100). Con los datos obtenidos se confeccionaron el cariotipo (en orden decreciente) (Fig. 2) y el carioidiograma (Fig. 3) según (Spotorno 1985, Seguel *et al.* 2010), los cuales representan las características cromosómicas de la variedad ecotípica del maíz calameño.

RESULTADOS

De un total de 75 preparaciones citogenéticas realizadas, en 10 placas metafásicas se observaron cromosomas bien dispersos. En las preparaciones restantes, los cromosomas aparecían agrupados o superpuestos, dificultando su observación y un análisis detallado.

En las 10 placas con adecuada calidad de metafase, las mediciones realizadas (Tabla 1) indicaron que esta variedad ecotípica presenta un número diploide de 2n = 20 cromosomas. Los pares cromosómicos 1, 2, 3, 4 y 6 se clasificaron como metacéntricos (M); los pares 7, 8, 9 y 10 como submetacéntricos (SM); y el par 5 como submetacéntrico satelital (SM-SAT), debido a la presencia de una constricción secundaria visible (Fig. 1). En consecuencia, la fórmula cromosómica haploide determinada para el maíz de Calama es: 5M + 4SM + 1SM/SAT.

TABLA 1. Mediciones cromosómicas del maíz calameño, (2n = 20). LBC: longitud brazo corto (%); LBL: longitud brazo largo (%); LT: longitud cromosómica total (%); IC: índice centromérico; m: metacéntrico; sm: submetacéntrico; sm-sat: submetacéntrico con satélite. Pc: par cromosómico; DE: desviación estándar. / Chromosomal measurements of Calama maize (2n = 20). LBC: short arm length (%); LBL: long arm length (%); LT: total chromosomal length (%); IC: centromeric index; m: metacentric; sm: submetacentric; sm-sat: submetacentric with satellite; Pc: chromosome pair; SD: standard deviation.

Pc	LBC % - DE	LBL % - DE	LT %	IC	Clasificación
1	7,35 ± 0,42	7,64 ± 0,43	14,99	49,03	m
2	6,05 ± 0,20	7,06 ± 0,46	13,11	46,15	m
3	5,40 ± 0,28	6,83 ± 0,38	12,23	44,15	m
4	5,07 ± 0,29	6,72 ± 0,36	11,79	43,00	m
5	3,91 ± 0,10	6,70 ± 0,16	10,61	36,85	sm-sat
6	3,91 ± 0,10	5,45 ± 0,10	9,36	41,77	m
7	2,92 ± 0,20	5,31 ± 0,09	8,23	35,47	sm
8	2,55 ± 0,16	4,44 ± 0,12	6,99	36,48	sm
9	2,34 ± 0,14	4,11 ± 0,10	6,45	36,27	sm
10	2,26 ± 0,17	4,00 ± 0,06	6,26	36,10	sm

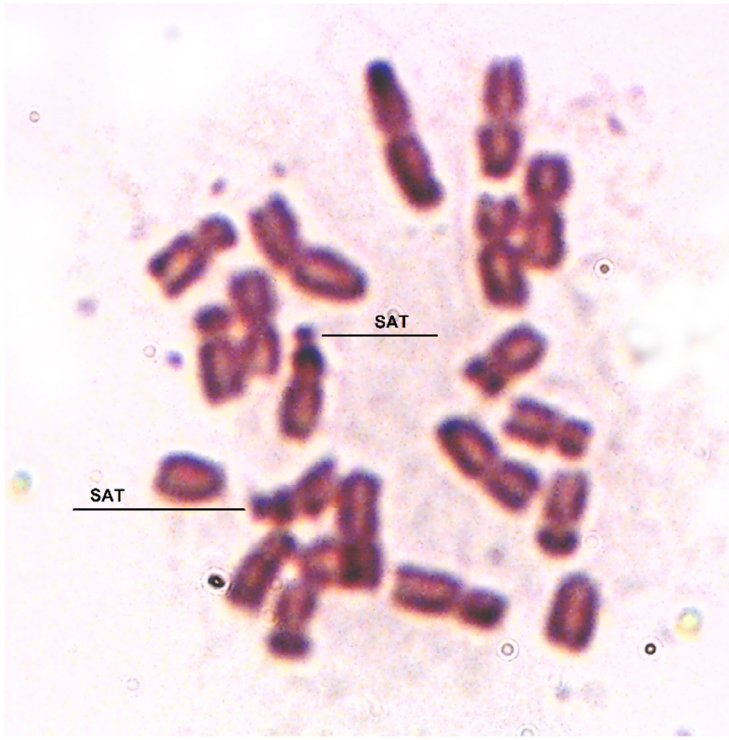

FIGURA 1. Placa metafásica bajo el objetivo 100x, en el cual, se observan las cromátidas y constricciones de los cromosomas identificando sus centrómeros. En las flechas indican el par n° 5, clasificado como par satelital que forma una segunda constricción. / Metaphase plate under 100x objective, showing chromatids and chromosome constrictions, identifying their centromeres. The arrows indicate pair No. 5, classified as a satellite pair, forming a secondary constriction.

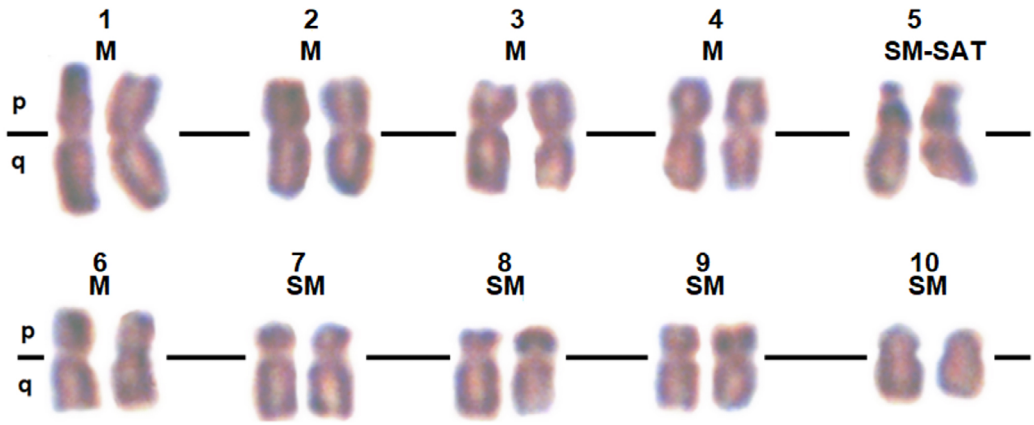

FIGURA 2. Cariotipo. Se muestran los 10 pares de cromosomas homólogos ordenadas en forma decreciente con sus clasificaciones respectivas. La línea horizontal representa la posición del centrómero, la letra p y q representan los brazos cortos y largos respectivamente. En el par 5 se muestran los cromosomas que presentaron una segunda constricción (SAT). / Karyotype. The 10 pairs of homologous chromosomes are shown in decreasing order with their respective classifications. The horizontal line represents the centromere position, while the letters p and q indicate the short and long arms, respectively. In pair 5, the chromosomes exhibiting a secondary constriction (SAT) are highlighted.

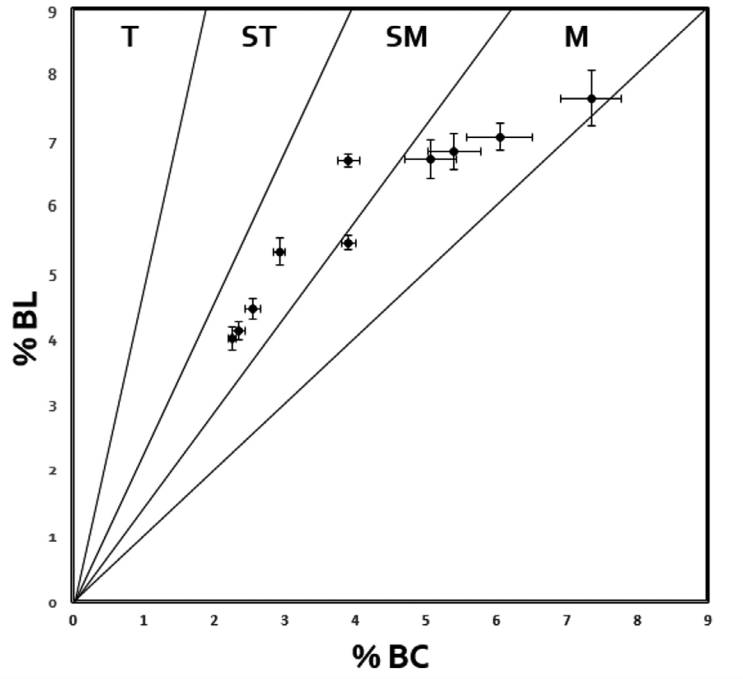

FIGURA 3. Carioidiograma que representa la longitud relativa porcentual del brazo corto (BC) y largo (BL) de cada par cromosómico. Las zonas se encuentran designadas por las clasificaciones, (M) metacéntrico, (SM) submetacéntrico, (ST) subtelocéntrico y (T) telocéntrico. Los Puntos de la gráfica representan la posición del centrómero y las barras son los errores de las mediciones de cada brazo establecidos por la desviación estándar. / Karyodiagram representing the percentage relative length of the short arm (BC) and long arm (BL) of each chromosomal pair. The regions are designated according to the classifications: (M) metacentric, (SM) submetacentric, (ST) subtelocentric, and (T) telocentric. The points on the graph indicate the centromere position, while the bars represent measurement errors for each arm, determined by the standard deviation.

DISCUSIÓN

La dotación cromosómica 2n = 20 observada en el maíz de Calama concuerda con la reportada para otras especies del género *Zea*. Todas las variedades cultivadas de *Zea mays* conocidas presentan 2n = 20, incluyendo especies silvestres o relacionadas como *Zea diploperennis* (Sachan & Sarkar 1985 Gallinat 1988), *Z. americana*, *Z. rostrata*, *Z. saccharata* y *Z. tunicata* (Iltis & Doebley 1980), así como la subespecie *Z. mays ssp. mexicana* (Iltis & Doebley 1980). Este número cromosómico uniforme en el género confirma que el ecotipo de Calama no presenta cambios en la ploidía respecto a otras razas de maíz previamente estudiadas.

Por otra parte, el cariotipo del maíz calameño mostró variabilidad estructural relevante. En particular, la presencia de una constricción secundaria (satélite) en el par cromosómico 5 diferencia a esta variedad de otras variedades de *Zea mays* ssp. *mays*. Por ejemplo, en el maíz híbrido H-311, los primeros cinco pares de cromosomas son metacéntricos y los siguientes cinco submetacéntricos, presentándose satélites en el par 6 (Flores-Maya *et al.* 2005). Este patrón también difiere de lo reportado por Silva *et al.* (2018), quienes describieron en otra variedad de maíz, pares metacéntricos en los cromosomas 1 y 5, submetacéntricos en los pares 2, 3, 4, 7, 8, 9 y 10, y un par 6 con organización submetacéntrico-satelital. Asimismo, en Perú, el maíz nativo denominado "Proto Confite Morocho" (López Medina *et al.* 2018) presenta un cariotipo donde los pares 1, 2, 3, 5, 6, 7 y 9 son metacéntricos, y los pares 4, 8 y 10 son submetacéntricos, sin evidenciarse ningún par satelital. Estas variaciones en la morfología cromosómica se acentúan al considerar diferencias geográficas entre las poblaciones de maíz. Un estudio realizado en Indonesia sobre siete variedades locales cultivadas de maíz (Mose *et al.* 2020) reveló las

siguientes clasificaciones cromosómicas: “kuning dalam” con 15 metacéntricos y 5 submetacéntricos; “kuning genjah” con 19 metacéntricos y 1 submetacéntrico; “merah darah” con 10 metacéntricos, 8 submetacéntricos y 2 telocéntricos; “merah delima tongkol coklat” con 19 metacéntricos y 1 submetacéntrico; “merah delima tongkol putih” con 19 metacéntricos y 1 submetacéntrico; y tanto “pulut” como “putih” con 20 metacéntricos. Ninguna de estas variedades asiáticas presentó pares satelitales, pero todas compartieron el complemento cromosómico básico de 2n = 20. En conjunto, estos resultados evidencian diferencias significativas en la estructura cromosómica entre variedades de maíz de distintas latitudes, lo que subraya la amplia variabilidad genética y estructural existente dentro del género *Zea*.

CONCLUSIONES

La aplicación de una técnica citogenética adaptada, junto con un análisis estandarizado, permitió caracterizar el cariotipo del “choclo calameño”, evidenciando una constitución cromosómica diploide estable de 2n = 20.

Se describió la estructura cromosómica característica de esta variedad y se comparó con otras variedades de *Zea mays*, observándose la presencia de un par cromosómico satelital (con constricción secundaria), rasgo reportado de manera variable en la literatura especializada.

Este estudio proporciona una base sólida para futuras investigaciones orientadas al mejoramiento genético y a la conservación de esta valiosa variedad ecotípica de maíz.

REFERENCIAS

Albert, P.S., Gao, Z., Danilova, T.V., Birchler, J.A. 2010. Diversity of chromosomal karyotypes in maize and its relatives. Cytogenetic and Genome Research 129(1-3): 6-16. https://doi.org/10.1159/000314342

Anderson, E. 1943. A Variety of Maize from the Rio Loa. Annals of the Missouri Botanical Garden 30(4): 469-475. https://www.jstor.org/stable/2394309

Chen, C.C., Chen, C.M., Hsu, F.C., Wang, C.J., Yang, J.T., Kao, Y.Y. 2000. The pachytene chromosomes of maize as revealed by fluorescence in situ hybridization with repetitive DNA sequences. Theoretical and Applied Genetics 101: 30-36. https://doi.org/10.1007/s001220051445

Engels, J.M.M., Ebert, A.W., Aormann, I., de Vicente, M.C. 2006. Centres of crop diversity and/or origin, genetically modified crops and implications for plant genetic resources conservation. Genetic Resources and Crop Evolution 53: 1675-1688. https://doi.org/10.1007/s10722-005-1215-y

Esquinas, J. 2005. Protecting crop genetic diversity for food security: political, ethical and technical challenges. Nature Reviews Genetics 6: 946-953. https://doi.org/10.1038/nrg1729

Figueroa, D.M., Bass, H.W. 2012. Development of pachytene FISH maps for six maize chromosomes and their integration with other maize maps for insights into genome structure variation. Chromosome Research 20: 363-380. https://doi.org/10.1007/s10577-012-9281-4

Flores-Maya, S., Olivares-Carrillo, J.L., Flores-Crespo, L.I., y Rivera-Aguilar, V. 2005. Estudio citogenético del maíz híbrido simple H-311 (*Zea mays* ssp. *mays*), teocintle chalqueño (*Zea mays* ssp. *mexicana*) y su híbrido F1 (*Zea mays* ssp. *mays* x *Zea mays* ssp. *mexicana*). Polibotánica (20): 47-72.

García V.A. 1990. Técnicas y Procedimientos de Citogenética Vegetal. 3a. ed. Colegio de Postgraduados. Montecillo, Texcoco, Edo. de México. 144 p

Hernández, X., Alanís, F.G. 1980. Estudio morfológico de cinco nuevas razas de maíz de la Sierra Madre Occidental de México: implicaciones citogenéticas. Revista de Fitotecnia Mexicana 3(4): 15-28. https://revfitotecnia.mx/index.php/RFM/issue/view/102

Iltis, H.H., Doebley, J. 1980. Taxonomy of *Zea* (Gramineae). I. A subgeneric classification with key to taxa. American Journal of Botany 67(7): 982-993. https://doi.org/10.1002/j.1537-2197.1980.tb07730.x

Jara-Seguel, P., Zúñiga, C., Romero-Mieres, M., Palma-Rojas, C., Von Brand, E. 2010. Karyotype study in *Luzuriaga radicans* (Liliales: Luzuriagaceae). Biologia 65(5): 813-816. https://doi.org/10.2478/s11756-010-0081-z

Levan, A., Fredga, K., Sandberg, A. 1964. Nomenclature for centromeric position of chromosomes. Hereditas 52(2): 201-220. http://dx.doi.org/10.1111/j.1601-5223.1964.tb01953.x

López Medina, S.E., Mostacero León, J., Quijano Jara, C.H., Gil Rivero, A.E., Rabanal Che Leon, M.F. 2018. Karyotype of native *Zea mays* ssp. *mays* Proto-Confite Morocho. Acta Agronómica 67(4): 525-530. https://www.redalyc.org/journal/1699/169959535009/html/

Lough, A.N., Faries, K.M., Koo, D.H., Hussain, A., Roark, L.M., Langewisch, T.L., Backes, T., Kremling, K.A.G., Jiang, J., Birchler, J.A., Newton, K.J. 2015. Cytogenetic and sequence analyses of mitochondrial DNA insertions in nuclear chromosomes of maize. G3: Genes,

Genomes, Genetics 5(11): 2229-2239. https://doi.org/10.1534/g3.115.020677

Mondin, M., Santos-Serejo, J.A., Bertão, M.R., Laborda, P., Pizzaia, D., Aguiar-Perecin, M.R.L. 2014. Karyotype variability in tropical maize sister inbred lines and hybrids compared with KYS standard line. Frontiers in Plant Science 5: 544. https://doi.org/10.3389/fpls.2014.00544

Mose, W., Wihelmus, T., Lusian, R. 2020. Cytogenetic analysis of seven local corn cultivars from Kisar Island–Southwest Maluku, Indonesia. Asian Journal of Plant Science 19(4): 313-324. https://doi.org/10.3923/ajps.2020.313.324

Ortega Paczka, R. 2003. La diversidad del maíz en México. En: Esteva, G., Marielle, C. (Eds.) Sin maíz no hay país, pp. 123-154. Consejo Nacional para la Cultura y las Artes, México.

Paratori, O. 1983. Recolección, clasificación y estudio de germoplasma chileno de maíz. Simiente 53(1-2): 33-38. http://www.agren.cl/sach/simiente-v53-1-2-1983.pdf

Paratori, O., Sbárbaro, R., Villegas, C. 1990. Catálogo de recursos genéticos de maíz. Boletín Técnico 165. Instituto de Investigaciones Agropecuarias.

Sadder, M.T., Weber, G. 2001. Karyotype of maize (*Zea mays* L.) mitotic metaphase chromosomes as revealed by fluorescence in situ hybridization (FISH) with cytogenetic DNA markers. Plant Molecular Biology Reporter 19: 117-123. https://doi.org/10.1007/BF02772153

Sachan, J.K.S., Sarkar, K.R. 1985. The present status of Maydeae. Indian Journal of Genetics and Plant Breeding 45(6): 480-491.

Silva, J.C., Carvalho, C.R., Clarindo, W.R. 2018. Updating the maize karyotype by chromosome DNA sizing. PLOS ONE 13(1): e0190428. https://doi.org/10.1371/journal.pone.0190428

Spotorno, A.E. 1985. Conceptos y métodos de cariología descriptiva y comparada. En: Fernández Donoso, R. (Ed.) El núcleo, los cromosomas y la evolución, pp. 136-165. UNESCO.

Vavilov, N.I. 1931. Problems concerning the origin of agriculture in the light of recent research. En: Proceedings of the International Congress of the History of Science and Technology 2: 95-106.