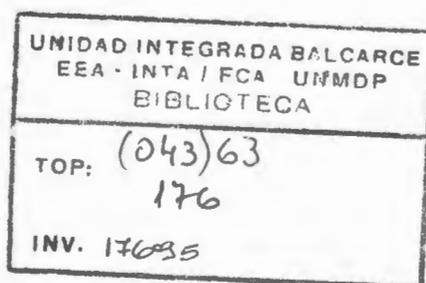


**ESTUDIO DE LA DIVERSIDAD GENÉTICA EN
VARIETADES DE *Solanum tuberosum* ssp. *andigenum*
(Juz. & Bukasov) Hawkes DE LA PROVINCIA DE JUJUY**

Verónica Nilda Ispizúa



Tesis presentada como requisito para optar al grado de

MAGISTER SCIENTIAE

**ESCUELA DE CIENCIAS AGRARIAS - UNMDP
BIBLIOTECA - c. c. 278
ESTACIÓN BALCARCE - Buenos Aires**

Programa de Posgrado en Manejo y Conservación de los Recursos Naturales
para la Agricultura con orientación en Recursos Fitogenéticos
Facultad de Ciencias Agrarias Universidad Nacional de Mar del Plata
Estación Experimental Agropecuaria de Balcarce - INTA

Balcarce, Junio de 2004

NO SE PRESTA
BIBLIOTECA INTA BALCARCE



**ESTUDIO DE LA DIVERSIDAD GENÉTICA EN VARIEDADES DE
Solanum tuberosum ssp. *andigenum* (Juz & Bukasov) Hawkes DE LA
PROVINCIA DE JUJUY**

Verónica Nilda Ispizúa

Aprobada por:

Andrea Clausen, Ing. Agr., M.Sc.
Consejera Principal

Rosana Guma, Ing. Agr., Dra.
Miembro del Comité Asesor

Olga Marcellán, Ing. Agr., M.Sc., Dra.
Miembro del Comité Asesor

Sergio Feingold, Ing. Agr., Dr.
Miembro del Comité Asesor

Iris Edith Peralta, Ing. Agr. PhD.
Jurado Evaluador Externo

A Mauricio,
a Maira y a Clara.

AGRADECIMIENTOS

- A Andrea Clausen por su constante guía, buena predisposición, por transmitirme su conocimiento y entusiasmo.
- A Rosana Guma por su gran ayuda en el análisis de los datos, su asesoramiento, su buena predisposición, por posibilitarme programas y bibliografía que facilitaron la escritura de la tesis.
- A Olga Marcellán por sus valiosas correcciones, sugerencias y contribuciones a este trabajo.
- A Sergio Feingold por su asesoramiento, su buena predisposición y sus sugerencias.
- A Mara Castaño y Abel Stabile por su ayuda en la preparación del material.
- A Natalia Norero por su ayuda en el laboratorio.
- A Mauricio y a Maira por su compañía, paciencia y comprensión.
- A Marisa Nuciari por su amistad y por compartir todos los momentos de la realización de esta tesis.
- A todas aquellas personas que de alguna manera contribuyeron en la realización de esta tesis.

INDICE

	Página
Lista de figuras	vi
Lista de tablas	vii
RESUMEN	viii
ABSTRACT	ix
INTRODUCCION	1
ANTECEDENTES	5
1. <i>Solanum tuberosum</i> ssp. <i>andigenum</i>	5
1.1. Taxonomía y Origen	5
1.2. Variedades de <i>Solanum tuberosum</i> ssp. <i>andigenum</i>	6
2. Marcadores moleculares	11
2.1. La utilización de marcadores moleculares en la conservación y caracterización de los recursos fitogenéticos	11
2.2. Marcadores microsatélites o secuencias simples repetidas (SSRs)	12
MATERIALES Y METODOS	17
1. Materiales	17
2. Métodos	17
2.1. Extracción de ADN	17
2.2. Cuantificación y estimación del ADN genómico	22
2.2.1. Por espectrofotometría	22
2.2.2. En geles de agarosa	22
2.3. Amplificación de microsatélites (SSRs)	23
2.4. Análisis de los datos	24
2.4.1. Índice de contenido polimórfico	24
2.4.2. Análisis de coordenadas principales	24
2.4.3. Arbol de mínima distancia	26
2.4.4. Análisis de la varianza molecular	27
RESULTADOS Y DISCUSIÓN	29
1. Análisis de la Diversidad Genética	29
1.1. Índice de Contenido Polimórfico (PIC)	29
1.2. Análisis de Coordenadas Principales (PCoordA) y Árbol de Mínima Distancia (MST)	32

1.2.1. Grupo I	32
1.2.2. Grupo II	39
1.2.3. Grupo III	46
1.2.4. Grupo IV	54
2. Análisis de la varianza molecular	62
CONSIDERACIONES GENERALES	65
CONCLUSIONES	74
BIBLIOGRAFÍA	75

LISTA DE FIGURAS

Figura	Página
1. Ubicación de los departamentos y localidades donde se coleccionaron los clones analizados de las ssp. de <i>S. tuberosum</i> y <i>S. curtilobum</i> .	21
2. Índice de Contenido polimórfico (PIC) para cada SSR y variedad.	30
3. Índice de Contenido polimórfico (PIC) promedio para cada una de las variedades.	31
4. Análisis de coordenadas principales correspondiente al grupo I.	33
5. Distribución geográfica de los genotipos pertenecientes a las variedades "collareja" y "Runa".	35
6. Arbol de mínima distancia (MST) obtenido a partir de la matriz de similitud sobre la configuración del ACoordP para el grupo I.	38
7. Análisis de coordenadas principales correspondiente al grupo II.	40
8. Arbol de mínima distancia (MST) obtenido a partir de la matriz de similitud sobre la configuración del ACoordP para el grupo II.	42
9. Distribución geográfica de los genotipos pertenecientes a las siguientes variedades: "Azul o Sallama", "Moradita", "Imilla", "Ojosa", "Negra redonda", "Navecilla" y "Overa".	45
10. Análisis de coordenadas principales correspondiente al grupo III.	47
11. Arbol de mínima distancia (MST) obtenido a partir de la matriz de similitud sobre la configuración del ACoordP para el grupo III.	50
12. Distribución geográfica de los genotipos pertenecientes a las siguientes variedades: "Colorada", "Cuarentona", "Ojos colorados", "Rosada", "Rosada Tbr", "Chaqueña", "Airampía", "Santa María".	52
13. Análisis de coordenadas principales correspondiente al grupo IV.	55
14. Distribución geográfica de los genotipos pertenecientes a las siguientes variedades: "Blanca", "Blanca redonda", "Tuni", "Papa oca", "Chacarera", "Malgacha", "Papa luqui".	56
15. Arbol de mínima distancia (MST) obtenido a partir de la matriz de similitud sobre la configuración del ACoordP para el grupo IV.	59

LISTA DE TABLAS

Tabla	Página
1. Materiales analizados con sus datos de procedencia.	18
2. SSRs analizados en este estudio.	23
3. Análisis de la varianza molecular (AMOVA).	28
4. Número de bandas, patrones y PIC observados para cada SSR analizado.	29
5. Número de clones analizados por variedad y por departamento incluidos en el AMOVA.	63
6. Resultados del AMOVA basado sobre los datos de los cuatro SSRs analizados.	64
7. Número, frecuencia de genotipos por variedad y características morfológicas de los tubérculos.	66

RESUMEN

Solanum tuberosum ssp. *andigenum* (Juz. et Buk.) Hawkes (adg), es una especie de papa tetraploide ($2n=4x=48$), que se cultiva en los Andes de América del Sur desde Venezuela hasta el noroeste de la Argentina, principalmente en las provincias de Salta, Jujuy y Catamarca. Esta especie presenta variedades locales que se diferencian entre sí por el porte de la planta, el color de las flores y, principalmente, por las características de los tubérculos. Con el objetivo de estudiar la diversidad genética en variedades cultivadas en la provincia de Jujuy, conservadas *ex situ* en el Banco de Germoplasma de Papa de la EEA de Balcarce (INTA), se analizaron 154 clones mediante el empleo de cuatro microsatélites. Se utilizaron tres clones pertenecientes a variedades comerciales de *S. tuberosum* L. ssp. *tuberosum* y un clon de *S. curtilobum* Juz. et Buk. como grupos taxonómicamente relacionados. Para cada microsatélite y para cada clon se registró la presencia y ausencia de bandas, se efectuó un análisis de coordenadas principales y un árbol de mínima distancia. Se obtuvo el índice de contenido polimórfico a partir del patrón de bandas observado para cada clon. Se realizó un análisis molecular de la varianza con un número variable de clones/variedad, provenientes de diferentes departamentos y sitios dentro de cada departamento. Los resultados obtenidos indican que la mayoría de las variedades locales están compuestas por más de un genotipo y dentro de cada variedad se detectaron clones que no se diferenciaron entre sí, lo que indicaría la presencia de duplicados en la colección. La mayor proporción de la diversidad genética se distribuye entre sitios dentro de cada departamento. Los resultados obtenidos están estrechamente relacionados con las prácticas culturales que realizan los agricultores andinos.

Palabras Claves: *Solanum tuberosum* ssp. *andigenum*, variedades locales, diversidad genética, microsatélites.

ABSTRACT

Solanum tuberosum ssp. *andigenum* (Juz. et Buk.) Hawkes (adg) is a tetraploid potato species ($2n=4x=48$), cultivated in the Andes of South-America from Venezuela to Northwest Argentina, mainly in the provinces of Salta, Jujuy and Catamarca. This species present local varieties that differ among themselves by their growth habit, colour of flowers and, mainly, by their tuber characteristics. With the objective of studying genetic diversity of the varieties cultivated in the province of Jujuy, 154 clones conserved at the Germplasm Bank of Balcarce (INTA), were tested using four microsatellites. Three commercial varieties of *S. tuberosum* L. ssp. *tuberosum* and one clone of *S. curtilobum* Juz. et Buk. were used as outgroups. For each microsatellite and for each clone the presence of bands was scored and the data analysed by minimum spanning tree and principal coordinate. The polymorphism index content was obtained for each clone from band patterns. Variance molecular analysis was carried out with a variable number of clones for each variety, from different departments and sites within departments. The results show that in the majority of the varieties, more than one genotype was detected and within each variety clones not differentiated among themselves were detected which were probably duplicates. Most of the genetic variation is found among sites within departments. These findings are in agreement with the agricultural practices carried out in the Andean farming systems.

Key Words: *Solanum tuberosum* ssp. *andigenum*, local varieties, genetic diversity, microsatellites.

INTRODUCCION

Las especies tuberosas del género *Solanum* y otros grupos de especies relacionadas se ubican dentro del subgénero *Potatoe* (G.Don) D'Arcy, sección *Petota* Dumortier y se distribuyen en dos subsecciones y 21 series taxonómicas (Hawkes, 1990). La serie Tuberosa incluye todas las especies cultivadas de papa junto con un considerable número de especies silvestres.

Hawkes (1990) reconoce 235 especies de papa, de las cuales 228 son silvestres y siete son cultivadas. Spooner y Hijmans (2001), en la última revisión de especies tuberosas silvestres de *Solanum*, presentan una lista de 119 especies. Las especies cultivadas incluyen tres diploides ($2n=2x=24$, *S. stenotomun* Juz. et Buk., *S. phureja* juz et Buk. y *S. ajanhuiri* juz. et Buk.), dos triploides ($2n=3x=36$, *S. chaucha* Juz. et Buk. y *S. juzepczukii* Buk.), una tetraploide ($2n=4x=48$, *S. tuberosum* L.) y una pentaploide ($2n=5x=60$, *S. curtilobum* Juz et Buk.)

Solanum tuberosum L. posee dos subespecies: *tuberosum* y *andigenum* (Hawkes y Hjerting, 1969, Hawkes, 1990; Ochoa 1990). La subespecie *andigenum* también, ha sido tratada taxonómicamente como una especie separada, *S. andigenum* (Bukasov, 1971; Lechnovich, 1971), como grupo de cultivar dentro de *S. tuberosum* (grupo Andigena) por Dodds (1962) y recientemente grupo Andigenum dentro de *S. tuberosum* por Huamán y Spooner (2002). El cultivo de *S. tuberosum* ssp. *tuberosum* está ampliamente distribuido en el mundo, mientras que el cultivo de *S. tuberosum* ssp. *andigenum* Juz. et Buk. se limita a los Andes de América del Sur, desde Venezuela hasta el noroeste de Argentina, entre los 2500 y los 4300 m (Hawkes y Hjerting, 1969; Hawkes, 1990; Ochoa, 1990).

Solanum tuberosum ssp. *andigenum* (adg) incluye variedades locales, variedades primitivas o "landraces", que se diferencian entre sí por el porte de la planta, el color de las flores y principalmente por las características de los tubérculos en cuanto a la forma, el color de la piel y de la carne. Brown (1978) describe a las variedades locales como poblaciones geográficamente o ecológicamente distintas, conspicuamente diversas en su composición genética

entre y dentro de sus poblaciones. Hawkes (1983), por otra parte, define a una variedad local como una población altamente diversa y una mezcla de genotipos.

En nuestro país se cultivan variedades de adg, principalmente en las provincias de Salta, Jujuy, Catamarca, y ocasionalmente en la provincia de Tucumán (Viirsoo, 1967; Hawkes y Hjerting, 1969; Clausen, 1989). Las áreas de cultivo de papa se encuentran en los valles y quebradas de altura que se caracterizan por su clima árido, con 300-400 mm anuales de precipitación, concentrados en los meses de verano. El cultivo de las variedades de adg forma parte de la economía de subsistencia de la región y se cultivan en pequeñas parcelas, con un uso escaso a nulo de insumos tecnológicos. Es frecuente encontrar cultivos de papa integrados por un número variable de variedades junto a otros cultivos como maíz, poroto y especies tuberosas como *Oxalis tuberosa* Molina y *Ullucus tuberosus* Caldas (Clausen, 1989). Algunas variedades, frecuentemente reciben distintas denominaciones de acuerdo al sitio y a su vez una variedad puede presentar diferentes morfotipos, relacionados con la forma, color de la carne y la piel de sus tubérculos, por ej. “tuni blanca”, “tuni rosada” y “tuni morada” (Viirsoo, 1954a).

Las variedades de adg constituyen un valioso recurso para el mejoramiento de la papa por poseer alto contenido de almidón y materia seca, resistencia al frío así como a enfermedades causadas por hongos, virus, bacterias y nematodos (Viirsoo, 1954a; Viirsoo, 1954b; Viirsoo, 1967; Huamán, 1984; Ortiz, 2001). En el Banco de Germoplasma de Papa de la EEA de Balcarce y el Banco Base de Castelar (INTA), se conservan *ex situ* entradas de variedades de adg de la provincia de Jujuy y de Salta. Como resultado de trabajos previos, principalmente en las variedades de amplia distribución, se ha encontrado una gran diversidad intraespecífica a nivel morfológico (Huarte *et al.*, 1991) y bioquímico e incluso se ha encontrado variabilidad entre clones de una misma variedad (Rovaretti, 1992). En el año 2001, la colección de adg de la provincia de Jujuy, se completó con la inclusión de entradas provenientes de áreas productoras no muestreadas, así como también de áreas marginales (Clausen *et al.*, 2003). Hasta el momento no se ha realizado un estudio de la

diversidad genética de adg de la provincia de Jujuy, mediante el empleo de marcadores moleculares.

La diversidad genética presente en una población o especie es la sumatoria de la diversidad alélica (Maxted *et al.*, 1997) y es consecuencia de los procesos evolutivos a que fue sometida (Brown, 1978). Su estudio es fundamental para el desarrollo de estrategias de colección y conservación de los recursos fitogenéticos. El análisis de la diversidad genética en variedades de adg provenientes de la provincia de Jujuy contribuirá a optimizar la conservación *ex situ* de este germoplasma. Para ello se utilizarán marcadores microsatélites o secuencias simples repetidas (SSRs) que consisten en repeticiones en tandem de secuencias simples de uno a seis nucleótidos, que se caracterizan por presentar un alto nivel de polimorfismo, ser codominantes, de fácil detección mediante PCR, abundantes y dispersos en el genoma y de alta reproducibilidad (Powell *et al.*, 1996). Los mismos han sido utilizados con éxito en estudios de diversidad genética e identificación varietal en *Solanum tuberosum* ssp. *tuberosum* (Provan *et al.*, 1996; Provan *et al.*, 1999; McGregor *et al.*, 2000a; Norero *et al.*, 2003). Raker y Spooner (2002) demostraron, también mediante la utilización de microsatélites, que *S. tuberosum* ssp. *tuberosum* se distingue genéticamente de la ssp. *andigenum*.

De acuerdo a lo presentado anteriormente, en este trabajo se plantearon las siguientes hipótesis y objetivos:

HIPÓTESIS

- 1)** Cada variedad de adg está compuesta por más de un genotipo
- 2)** La diversidad genética de adg se distribuye: a) entre departamentos, b) entre sitios dentro de cada departamento

OBJETIVO GENERAL

Analizar la diversidad genética de variedades de adg provenientes de diferentes sitios en diez departamentos de la provincia de Jujuy mediante SSRs

OBJETIVOS PARTICULARES

- 1)** Analizar la diversidad genética dentro de variedades
- 2)** Analizar la distribución de la diversidad genética de adg entre departamentos y entre sitios dentro de cada departamento

ANTECEDENTES

1. *Solanum tuberosum* ssp. *andigenum*

1.1. Taxonomía y Origen

La clasificación y nomenclatura de las plantas cultivadas pueden registrarse según las reglas del Código Internacional de Nomenclatura Botánica (CINB) o según el Código Internacional de Plantas Cultivadas (CIPC) (Dodds, 1962). Con relación a lo mencionado anteriormente, *S. tuberosum* ssp. *andigenum* ha recibido diferentes tratamientos taxonómicos. Bukasov (1971) y Lechnovich (1971) consideran a *S. andigenum* Juz. & Bukasov como una especie separada de *S. tuberosum* L.; Hawkes (1990) y Ochoa (1990) la consideran como una subespecie de *S. tuberosum* L.; mientras que Dodds (1962) y Huamán y Spooner (2002) la clasifican como un grupo de cultivar dentro de *S. tuberosum* L. Las categorías de especies y subespecies corresponden al CINB, se basan en diferencias en los caracteres morfológicos y generalmente asumen diferencias filogenéticas entre grupos, mientras que grupo de cultivar es una categoría utilizada por el CIPC que asocia plantas cultivadas con las características que son de uso por los agricultores, tales como resistencia a enfermedades, valor ornamental, etc. (Spooner *et al.*, 2003).

Según Dodds (1962), Hawkes y Hjerting (1969), Hawkes (1990) y Ochoa (1990) *S. tuberosum* ssp. *andigenum*, se distingue morfológicamente de la subespecie *tuberosum* por tener tallos más altos y delgados, entrenudos largos, hojas más divididas, con numerosos folíolos angostos y peciolulados, formando un ángulo agudo sobre el tallo. Presenta un pedicelo no engrosado, corola mediana a fuertemente pigmentada, raramente pálida hacia los acúmenes, ocasionalmente blanca. Sus tubérculos presentan una gran diversidad de formas y colores de la piel y carne; la tuberización ocurre en altitudes superiores a los 2000 m y bajo condiciones de día corto.

Existen varias hipótesis acerca de los orígenes de *adg* y de sus posibles progenitores. Swaminathan y Magon (1961) e Iwanaga y Peloquin (1982), han propuesto un origen autotetraploide a partir de *S. stenotomum* por la fusión de gametos $2n$ (gametos o gametofitos con el número cromosómico del

esporofito). Esta evidencia se sustenta en la observación de cuadrivalentes en la meiosis (Howard, 1970), y también por el modo de herencia tetrasómica de algunos caracteres (Howard, 1970; Ross, 1986). Cribb y Hawkes (1986) proponen que adg es un alotetraploide originado a partir del cruzamiento entre *S. stenotomun* y *S. sparsipilum* (Bitt.) Juz. et Buk. Esta hipótesis se basa en la obtención de híbridos experimentales, los cuales mostraron similitudes morfológicas y bioquímicas con los tetraploides naturales de adg. Posteriormente pudo haber ocurrido una duplicación cromosómica o fusión de gametos $2n$ para restaurar el nivel tetraploide. Mediante un análisis de ADN citoplasmático, Hosaka y Hanneman (1988) detectaron que los tipos de ADN cloroplástico en adg no son específicos y que son comunes a los encontrados en otras especies silvestres y cultivadas, indicando que adg se ha originado por hibridación repetida e introgresión, involucrando diferentes especies. Grun (1990) hipotetiza que adg se originó por fusión de gametos $2n$, provenientes de *S. stenotomun*, con otros gametos de especies silvestres no identificadas. Según el mismo autor, la introgresión de muchas especies diploides en adg, ocurrió a través de la fertilización de gametos $2n$ provenientes de especies diploides. Matsubayashi (1991) sugiere que adg se originó a partir de dos especies diploides cultivadas, *S. stenotomun* y *S. phureja*, basándose en evidencias citogenéticas, fisiológicas, de distribución geográfica y morfológicas. El mismo autor menciona que en los híbridos originados entre las especies citadas, dentro de las características morfológicas, se destacan el tamaño de los tubérculos y la longitud de los estolones, las cuales se asemejan a adg.

1.2. Variedades de *Solanum tuberosum* ssp. *andigenum*

Cuando el hombre comienza a domesticar especies silvestres, obtiene plantas que poseen genotipos que sobreviven no sólo a la selección natural sino también a la selección antrópica. Los genotipos de las especies silvestres cambiaron en la medida que el hombre seleccionó plantas con ciertas características útiles, las cuales fueron mantenidas y multiplicadas. Estas acciones combinadas resultaron, para algunos cultivos, en poblaciones

denominadas "landraces" o variedades locales o tradicionales (Zeven, 1998). Estos materiales consisten en una mezcla de genotipos, que se reconocen morfológicamente y difieren entre ellos en la resistencia a enfermedades, adaptaciones al tipo de suelo, época de siembra, madurez fisiológica y valor nutritivo, entre otras propiedades (Harlan, 1975). Brown (1978), describe a las variedades locales como poblaciones geográficamente o ecológicamente distintas, las cuales son conspicuamente diversas en su composición genética entre y dentro de sus poblaciones. Se distinguen de sus especies silvestres relacionadas por haber evolucionado bajo cultivo y difieren de una variedad comercial porque no han sido intensamente seleccionadas bajo un programa formal de mejoramiento genético. Sin embargo, el agricultor las identifica, selecciona y mantiene, en función de sus necesidades sociales, económicas, culturales y ecológicas (Teshome *et al.*, 1997). Cada estación, el agricultor selecciona una muestra de cultivo para utilizarla como semilla el año siguiente, en otras palabras, el agricultor decide sobre la muestra a retener para semilla. Los factores que influyen sobre su elección pueden ser varios, pero incluyen comúnmente: rendimiento, calidad, y resistencia a enfermedades (Maxted, *et al.*, 1997).

Las variedades están adaptadas a la región en la cual evolucionaron (Harlan, 1975). Esta adaptación tiene lugar por el cambio de frecuencias de fenotipos y por consiguiente de genotipos para cultivos que se autofecundan o se reproducen vegetativamente, de alelos para cultivos de fecundación cruzada, y por introgresión de nuevos genotipos originados por mutación o por una eventual hibridación entre plantas (Zeven, 1998). También responde a una selección masal, ya que el genotipo que más produce, es seleccionado favorablemente por el agricultor.

En el altiplano de Bolivia y Sur del Perú, la mayor diversidad de especies cultivadas tetraploides de papa se encuentra junto a las especies diploides (Dodds, 1962). *S. tuberosum* ssp. *andigenum* se cultiva entre los 2500 y los 4300 m en los Andes de América del Sur desde el noroeste de la Argentina, Punas y Prepunas del centro de Bolivia y Perú, hasta las regiones de los Páramos y Subpáramos de Ecuador, Colombia y Venezuela (Hawkes y

Hjerting, 1969; Hawkes, 1990; Ochoa, 1990). En nuestro país se la cultiva en las provincias de Salta, Jujuy, Catamarca y ocasionalmente en la provincia de Tucumán (Viirsoo, 1967; Hawkes y Hjerting, 1969; Clausen, 1989). Este área de cultivo coincide con la provincia fitogeográfica de la Puna y Prepuna, caracterizada por su clima árido con 300-400 mm anuales de precipitación, concentrados en los meses de verano (Cabrera y Willink, 1980). La temperatura en invierno desciende hasta 15 °C bajo cero y en verano puede llegar hasta 30 °C. Durante los meses de noviembre hasta marzo generalmente no suelen producirse heladas (Viirsoo, 1954a).

La subespecie *adg* se caracteriza por presentar variedades, que se diferencian entre sí por el porte de la planta, el color de las flores y principalmente por las características de los tubérculos en cuanto a la forma, el color de la piel y de la carne, así como por las características de los ojos y su distribución. En la Argentina, el cultivo de las variedades se realiza en pequeñas parcelas, generalmente situadas en valles y laderas montañosas, las cuales son utilizadas por un año y luego entran en un período variable de descanso, de acuerdo a la disponibilidad de otras parcelas para el cultivo. Estas parcelas, que a menudo son rodeadas por una pared baja de piedra llamada *pirca*, previamente fueron utilizadas como corrales para animales domésticos, de modo que el suelo cuenta con abono suficiente para el cultivo. Es también común el cultivo de tres o cuatro variedades y en algunos casos hasta diez en la misma parcela. Esta heterogeneidad varietal se debe a la falta de selección en el momento de la cosecha, y cuando se realiza la plantación, las variedades no pueden distinguirse porque los tubérculos han perdido la coloración. Pocos productores seleccionan su semilla durante la cosecha y plantan cada variedad en diferentes surcos (Clausen, 1989).

Los agricultores no dedican mucho esfuerzo y tiempo en la preparación del suelo para la plantación de las variedades, por lo que es común encontrar malezas, algunas de las cuales son especies silvestres de papa que se establecen dentro y entre los surcos. Aunque las malezas no tienen valor para los agricultores, raramente son removidas o disturbadas y tienen la oportunidad

de florecer y reproducirse, así como de producir híbridos con el cultivo (Ugent, 1970).

El agricultor identifica y denomina a las variedades en función de las características del tubérculo (Quiros *et al.*, 1990). El Quechua y el Aymará, son los idiomas más usados en la denominación de las variedades, aunque a veces también el español. En el norte de Argentina la población no es exclusivamente indígena, como en Perú y Bolivia, por lo cual se utiliza tanto el quechua como el español para denominar las variedades (Hawkes, 1947). Esto se evidencia en que algunas variedades reciben el nombre en español ("Rosada", "Blanca") mientras que otras se denominan en quechua ("Runa").

Gómez (1946, *en* Albeck, 1993) indica que en la década del 40 se registraron 75 variedades de papa en la Argentina, en la Quebrada de Humahuaca. Viirsoo (1954a) informa sobre la existencia de 19 variedades coleccionadas en las provincias de Salta y Jujuy en su trabajo sobre comportamiento agronómico y Clausen (1989) reporta 35 variedades coleccionadas en las mismas provincias. Clausen *et al.* (2003) citan 34 variedades coleccionadas en la provincia de Jujuy. También para nuestro país, Hawkes y Hjerting (1969) describen 25 variedades de adg, pero según estos autores, las variedades descritas no son el total de las variedades existentes. Huamán (2000) cita 2000 variedades nativas para Perú y Ochoa (1990) describe 13 variedades y sus formas especiales para Bolivia, de las cuales algunas, por su denominación, se encontrarían también en nuestro país.

Las variedades de papa nativa (*S. tuberosum* L. ssp. *andigenum*) y otros tubérculos andinos como el ulluco (*Ullucus tuberosum*), oca (*Oxalis tuberosa*) y mashua (*Tropaeolum tuberosum* Ruiz & Pavón), que son conservadas por generaciones de agricultores andinos, están en peligro inminente de extinción debido a: a) su reemplazo por nuevas variedades mejoradas y de mayor rendimiento; b) la infección con virus y la mayor presión por enfermedades y plagas causada por la cercanía de campos comerciales con variedades mejoradas de relativa uniformidad genética; c) la reducción de la extensión del área cultivada con variedades nativas tradicionales debido a la falta de oportunidades de mercado y la migración de la población rural a las grandes

ciudades; y d) las mayores pérdidas causadas por heladas, sequías y granizadas producidas por los efectos del calentamiento global (Huamán, 2000).

Para conservar los recursos fitogenéticos existen dos estrategias: *ex situ* e *in situ*. En cada una de éstas se pueden definir varias modalidades de conservación que dependen de las características de cada especie. Se entiende por conservación *ex situ* la preservación de los componentes de la diversidad biológica fuera de su hábitat natural e *in situ* la conservación de los ecosistemas, el hábitat natural, el mantenimiento y recuperación de poblaciones viables de especies en sus entornos naturales y, en el caso de las especies domesticadas y cultivadas, en los entornos en que hayan desarrollado sus propiedades específicas (UNCED, 1992).

En el Banco de Germoplasma de Papa de la EEA Balcarce del INTA se conservan *ex situ* aproximadamente 300 entradas de variedades de adg provenientes de las provincias de Salta y Jujuy. Mediante un estudio electroforético en proteínas de tubérculos, se encontró variabilidad genética en variedades de adg coleccionadas en las provincias de Jujuy y Salta, así como también se determinó la existencia de morfotipos y clones duplicados dentro de algunas variedades (Rovaretti, 1992). También se ha observado que existe una gran diversidad morfológica principalmente en aquellas variedades de amplia distribución en los valles andinos (Huarte et al., 1991).

Las variedades de adg se conservan *ex situ* (Huamán et al., 2000), aunque la conservación *in situ* es una opción viable para el presente y futuro de la preservación de los recursos genéticos de los Andes y debería ser considerada complementaria de la conservación *ex situ* (Ortega, 1997). En el establecimiento de la conservación *in situ*, la participación de los agricultores es un aspecto fundamental a tener en cuenta, debido a la dependencia de las variedades locales de las prácticas agrícolas y tradiciones culturales llevadas a cabo por los mismos (Brush, 1991; Brown, 1999). Según Maxted y Hawkes (1997), es urgente establecer reservas genéticas a lo largo de los Andes, en áreas con altos niveles de diversidad genética, para conservar papas cultivadas.

2. Marcadores moleculares

2.1. La utilización de marcadores moleculares en la conservación y caracterización de los recursos fitogenéticos

La conservación es el proceso que retiene activamente y maneja la diversidad de un acervo génico con un objetivo de utilización actual o potencial (Maxted *et al.*, 1997). En primer lugar, es importante porque hay muchas especies que están amenazadas y en peligro de extinción; en segundo lugar, por la dependencia de la humanidad de las plantas para diferentes usos y finalmente, para mantener estable el funcionamiento de los ecosistemas naturales y porque muchos cultivos dependen de los genes existentes en las especies relacionadas y silvestres para ampliar su base genética (Prance, 1997; Maxted *et al.*, 2002).

El objetivo primario de las estrategias de conservación *in situ* y *ex situ* es preservar la diversidad genética de los recursos fitogenéticos, y existen varios métodos para estimarla, los cuales han tenido un rol importante dentro de los programas de conservación (Newbury y Ford-Lloyd, 1997). Los métodos clásicos se han basado en la medición de caracteres morfológicos, pero el uso de los mismos posee ciertas limitaciones. Un problema ampliamente reconocido es que el uso de caracteres morfológicos es un método indirecto para estimar la diversidad genética, ya que su expresión está afectada por el ambiente y el número de caracteres que pueden medirse razonablemente en un ensayo es limitado (Karp *et al.*, 1997; Newbury y Ford-Lloyd, 1997). Estas limitaciones se han resuelto con el desarrollo de técnicas bioquímicas tales como la electroforesis de proteínas (particularmente de reserva e isoenzimas) (Hunter y Markert, 1957) y técnicas moleculares que analizan la variación de secuencia del ADN.

El desarrollo de marcadores moleculares basados en la PCR, tales como el polimorfismo de ADN amplificado al azar (RAPDs), polimorfismo de la longitud de los fragmentos amplificados (AFLPs), secuencias simples repetidas (SSRs), secuencias internas entre secuencias simples repetidas (ISSRs), han posibilitado realizar caracterizaciones de colecciones de germoplasma a nivel

molecular que previamente era imposible debido a las limitaciones de las técnicas tradicionales como el polimorfismo de la longitud de los fragmentos de restricción (RFLPs) (Hokanson *et al.*, 1998). Estas técnicas varían en la metodología que utilizan para resolver las diferencias genéticas, en el tipo de datos que pueden generar, en los niveles taxonómicos en los cuales pueden ser apropiadamente aplicados y en sus requerimientos técnicos y financieros.

En el contexto de la conservación de los recursos fitogenéticos, los marcadores moleculares pueden ser usados para verificar la integridad y estabilidad genética durante la regeneración *ex situ* (del Rio *et al.*, 1997a; del Rio *et al.*, 1997b; Borner *et al.*, 2000; Perazzo *et al.*, 2000). También son utilizados en la etapa de caracterización para establecer relaciones de similitud genética entre individuos (Goulao *et al.*, 2001; Li *et al.*, 2001; Hormaza, 2002; Wunsch y Hormaza, 2002), en estudios de la diversidad genética (Milbourne *et al.*, 1997; Bornet *et al.*, 2002), para determinar duplicados en una colección (Zeven *et al.*, 1998; Zhang *et al.*, 2001; McGregor *et al.*, 2002) o para establecer la identidad genética del material (Prevost y Wilkinson, 1999; McGregor *et al.*, 2000a; Raina *et al.*, 2001). La información provista por los marcadores es utilizada, para desarrollar estrategias de manejo de las colecciones de germoplasma, en particular en el establecimiento de prioridades para misiones futuras de muestreo, para elaborar programas de regeneración de germoplasma y para formar colecciones núcleo (Dje *et al.*, 2000; Huamán, *et al.*, 2000).

2.2. Marcadores microsatélites o secuencias simples repetidas (SSRs)

Los microsatélites o secuencias simples repetidas (SSRs) son motivos de secuencias del ADN compuestas por uno a seis nucleótidos repetidos en tándem (Hamada *et al.*, 1982). El número de repeticiones de nucleótidos es variable y, en general, el grado de polimorfismo aumenta con la longitud total del microsatélite (Weber, 1990). Se han propuesto dos causas principales no excluyentes, que explicarían el alto nivel de polimorfismo evidenciado por los microsatélites: 1) el entrecruzamiento desigual de gametas durante la meiosis y 2) el deslizamiento (disociación y reasociación incorrecta) de la cadena que

está siendo sintetizada durante la replicación del ADN, siendo este último el que se cree tiene mayor importancia con relación a la hipervariabilidad de los microsatélites (Schlotterer y Tautz, 1995).

Los microsatélites se caracterizan por ser abundantes y estar uniformemente dispersos en el genoma de la mayoría de las especies eucariotas, ser codominantes, de naturaleza multialélica, de fácil detección mediante PCR y de alta reproducibilidad, lo que permite un intercambio confiable y estandarizado de protocolos entre distintos laboratorios (Powell *et al.*, 1996).

Debido a las características antes mencionadas, los microsatélites se han convertido en una herramienta de preferencia para el estudio de germoplasma de diversas especies, tales como el establecimiento de la identidad genética o “fingerprinting”, determinación de relaciones entre taxones estrechamente relacionados y el análisis de la diversidad genética contenida en una colección (Hokanson *et al.*, 1998).

La determinación de la identidad genética de una especie o cultivo es importante, tanto para los bancos de germoplasma para mantener y asegurar la estabilidad genética de las colecciones en el proceso de regeneración, facilitando su intercambio y uso, como para los mejoradores para el control de calidad y protección de variedades en programas de producción de semillas. Así por ejemplo, el empleo de 33 pares de “primers” de SSRs en 105 cultivares de trigo procedentes de Argentina, permitió la identificación inequívoca de cada cultivar (Manifiesto *et al.*, 2001). Similares resultados se han obtenido en otros cultivos tales como soja (Rongwen *et al.*, 1995); vid (Thomas y Scott, 1993), manzana (Hokanson *et al.*, 1998); y en especies cultivadas de papa (Ghislain *et al.*, 2000). Hormaza (2002) identificó 48 genotipos de *Prunus armeniaca* L. provenientes de diversas regiones geográficas, utilizando 37 SSRs, previamente desarrollados en otras especies pertenecientes al género *Prunus*. Wunsch y Hormaza (2002) encontraron resultados similares, mediante la utilización de 34 SSRs desarrollados en durazno (*Prunus persica* (L) Batsch) lograron identificar 72 genotipos de cereza (*Prunus avium* L.).

Varios autores han destacado las ventajas y características de los SSRs al ser utilizados en estudios de diversidad genética. Perera *et al.* (2000) emplearon microsátélites para investigar el nivel de diversidad genética, distribución de la variación y relación genética en 130 individuos de coco (*Cocos nucifera* L.), representando a 94 ecotipos de diversas partes del mundo. Estos autores concluyen que los patrones de variación encontrados confirman las teorías previas sobre la evolución del coco y su dispersión.

Zhang *et al.* (2001) utilizaron 12 SSRs para estimar la diversidad genética en variedades de batata procedentes de América Latina, y encontraron que la riqueza e igualdad de alelos, en las tres regiones tropicales americanas analizadas, eran compatibles con los resultados hallados en un estudio de diversidad genética efectuado para las mismas regiones usando AFLPs. Los mismos autores mencionan que si bien los AFLPs y RAPDs son capaces de diferenciar variedades, son de baja reproducibilidad comparados con los SSRs y destacan la capacidad discriminatoria de los mismos, a través de la identificación de las 113 entradas analizadas.

Struss y Plieske (1998) emplearon 15 SSRs con el objetivo de estimar la diversidad genética y lograron distinguir genotipos duplicados en una colección de germoplasma de cebada, compuesta por formas silvestres, variedades primitivas y cultivares antiguos. Ghebru *et al.* (2002) analizaron la diversidad genética en 28 variedades primitivas de sorgo procedentes de África y coinciden con los autores antes mencionados, en que los microsátélites proveen una herramienta rápida y eficiente que permite optimizar la conservación de germoplasma.

En especies de papa, esta técnica se ha utilizado para determinar la estabilidad genética de entradas durante la conservación de germoplasma, la identificación de cultivares y el análisis de la relación genética entre cultivares. El mantenimiento de la integridad genética es un requerimiento importante en el manejo de un Banco de Germoplasma. Perazzo *et al.* (2000) compararon clones pertenecientes a especies cultivadas de papa, conservados en el campo, con clones de las mismas entradas conservadas *in vitro* durante cinco años, y crioconservados durante un año, mediante un análisis morfológico y

molecular con SSRs. Los resultados obtenidos indicaron que los SSRs son una herramienta potente y que los análisis morfológicos y moleculares se complementan y permiten detectar entradas mal identificadas.

Ghislain *et al.* (2000), emplearon 18 SSRs para identificar y diferenciar siete especies cultivadas de papa y concluyeron que los SSRs poseen ventajas con respecto al resto de los marcadores moleculares, para la identificación genética de la papa, debido a su alta reproducibilidad y simplicidad en el uso.

En *S. tuberosum* ssp. *tuberosum*, mediante un estudio comparativo entre las técnicas de RAPDs, AFLPs, SSRs y ISSRs se determinó que los cuatro marcadores permitieron identificar los 39 cultivares estudiados. No obstante, los marcadores difirieron en el número medio de perfiles generados por par de cebadores por cultivar o índice genotípico (IG), siendo los más altos para AFLPs y SSRs. Por otro lado los SSRs mostraron un 100% de reproducibilidad, seguidos por un 99,66% para AFLPs, 87% para ISSRs y 84,3% para RAPDs (McGregor *et al.*, 2000b). Provan *et al.* (1996) diferenciaron 18 cultivares, mediante el empleo 16 SSRs. McGregor *et al.* (2000a) identificaron 24 cultivares de papa de Sudáfrica de importancia comercial y destacaron el poder de discriminación y reproducibilidad de los SSRs. Kawchuk *et al.* (1996) describieron 3 pares de primers y los emplearon en la identificación de 95 cultivares. Los SSRs produjeron perfiles únicos en 73 de los 95 cultivares analizados y alelos idénticos en hojas y tubérculos. Los autores concluyeron que debido a su abundancia y a la información aportada, los SSRs son ideales para una determinación rápida y exacta de la identidad de cultivares pertenecientes a *S. tuberosum* ssp. *tuberosum*.

Norero *et al.* (2003), mediante la utilización de cuatro SSRs altamente polimórficos, diferenciaron 37 cultivares pertenecientes a *S. tuberosum* ssp. *tuberosum*, *S. tuberosum* ssp. *andigenum* e híbridos entre estas dos subespecies. Según los autores, los patrones obtenidos en los clones analizados y simplicidad de la técnica, indican que los microsatélites son una herramienta ideal para la identificación rutinaria y efectiva de cultivares de papa, los cuales también pueden ser usados en bancos de germoplasma, para

determinar entradas duplicadas en la colección o para formar una colección núcleo.

Raker y Spooner (2002), mediante el empleo de 23 SSRs, encontraron diferencias genéticas entre las dos subespecies de *S. tuberosum*, y mencionan que como resultado de los altos niveles de polimorfismo y heterocigocidad en las regiones microsatélites de *S. tuberosum*, los mismos son útiles para detectar diferencias entre taxones estrechamente relacionados.

MATERIALES Y METODOS

1. Materiales

Se estudiaron 149 clones de 40 variedades de *S. tuberosum* L. ssp. *andigenum*, con un número variable de clones por variedad, provenientes de diferentes sitios distribuidos en diez departamentos en la provincia de Jujuy, un clon de *S. curtilobum* ($2n=5x=60$), cinco clones presuntamente pertenecientes a *S. tuberosum* L. ssp. *tuberosum* y tres clones pertenecientes a variedades de *S. tuberosum* L. ssp. *tuberosum* utilizados como grupos taxonómicamente relacionados. Un clon de adg, proveniente de la provincia de Salta, se utilizó como testigo. En la Tabla 1 se detallan las variedades con su número de colección y datos de procedencia y en la Fig. 1 se indican los departamentos y localidades muestreadas dentro de cada departamento.

Los materiales fueron provistos por el Banco de Germoplasma de papa de la EEA Balcarce del INTA. Los tubérculos fueron coleccionados en parcelas de productores en diferentes sitios de muestreo dentro de cada departamento e introducidos *in vitro*. A fin de disponer de material para la extracción de ADN, las plantas *in vitro* se multiplicaron en cajas con sustrato orgánico y se mantuvieron en una cámara de cultivo e invernáculo. Los tres clones de *S. tuberosum* ssp. *tuberosum* provienen de la colección de variedades del PROPAPA (Proyecto Integrado para el Mejoramiento de la Calidad de Papa).

2. Métodos

2.1 Extracción de ADN

Se realizó la extracción de ADN total de cada uno de los clones por el método de Haymes (1996) con modificaciones. De cada clon, se extrajeron tres discos de hojas usando un tubo Eppendorf como sacabocados, y se molió la muestra con un molidor cónico eléctrico en seco. Se agregaron 250 μ l de buffer de extracción (100 mM Tris-HCl pH8; 20 mM de EDTA pH8; 1,4 M ClNa; 2% CTAB y 0,4 % β -mercaptoetanol) y las muestras se incubaron a 65° durante 30 minutos en baño María. Se agregaron 100 μ l de cloroformo:isoamílico (24:1), se mezcló por inversión y se centrifugó durante cinco minutos a 14.000 r.p.m.

Tabla 1. Materiales analizados con sus datos de procedencia. Todos los materiales provienen de la provincia de Jujuy, excepto la entrada CI 621, coleccionada en Salta.

Solanum tuberosum ssp. *andigenum*

Variedad	Colección	Departamento	Localidad	Latitud (S)	Longitud (O)	Altitud m
Airampia	CI 835	Valle Grande	Santa Ana	23° 20'	65° 02'	3.500
Airampia	CI 836	Valle Grande	Santa Ana	23° 20'	65° 02'	3.500
Azul o Sallama	CI 793	Valle Grande	Santa Ana	23° 20'	65° 02'	3.500
Azul o Sallama	CI 798	Valle Grande	Santa Ana	23° 20'	65° 02'	3.500
Azul o Sallama	CI 804	Valle Grande	Santa Ana	23° 20'	65° 02'	3.500
Azul o Sallama	CCS 1227	Humahuaca	Coctaca	23° 08'	65° 17'	3.168
Blanca	CI 752b	Valle Grande	Santa Ana	23° 20'	65° 02'	3.500
Blanca	CCS 1350	Tumbaya	El Angosto	23° 55'	65° 49'	3.607
Blanca	CCS 1354	Tumbaya	El Angosto	23° 55'	65° 49'	3.607
Blanca	CCS 1358	Tumbaya	El Moreno	23° 51'	65° 49'	3.528
Blanca	CCS 1360	Tumbaya	El Moreno	23° 51'	65° 49'	3.528
B. alargada	CCS 1310	Santa Catalina	Cabrería	22° 05'	66° 15'	3.700
B. alargada	CCS 1389	Tumbaya	Cieneguillas	23° 40'	65° 32'	2.900
B. alargada	CCS 1392	Tumbaya	Est. Grande	23° 36'	65° 93'	3.369
B. redonda	CI 767	Valle Grande	Valle Colorado	23° 27'	64° 59'	2.800
B. redonda	CI 774	Valle Grande	Santa Ana	23° 20'	65° 02'	3.500
B. redonda	CCS 1309	Santa Catalina	Cabrería	22° 05'	66° 15'	3.700
B. redonda	CCS 1338	Susques	Corral Blanco	23° 22'	66° 23'	3.587
B. redonda	CCS 1351	Tumbaya	El Angosto	23° 55'	65° 49'	3.607
B. rosada	CCS 1367	Tumbaya	El Moreno	23° 51'	65° 49'	3.528
Colorada	CI 741	Yavi	Yavi Viejo	22° 56'	65° 17'	3.500
Colorada	CCS 1220	Humahuaca	Ocumazo	23° 14'	65° 15'	3.070
Colorada	CCS 1221	Humahuaca	Coctaca	23° 09'	65° 16'	3.168
Colorada	CCS 1349	Tumbaya	El Angosto	23° 55'	65° 49'	3.607
Colorada	CCS 1395	Tumbaya	Est. Grande	23° 36'	65° 93'	3.369
C. boliviana	CCS 1427	Gral. Belgrano	Papa Chacra	24° 00'	65° 33'	2.420
Colorana	CCS 1184	Humahuaca	Palca de Aparzo	23° 06'	65° 10'	3.237
Collareja	CI 621	Santa Victoria	Nazareno	22° 31'	65° 07'	3.100
Collareja	CI 806	Valle Grande	Santa Ana	23° 20'	65° 02'	3.500
Collareja	CI 831	Valle Grande	Santa Ana	23° 20'	65° 02'	3.500
Collareja	CCS 1156	Tilcara	Maimara	23° 36'	65° 24'	2.371
Collareja	CCS 1159	Tilcara	Juella	23° 31'	65° 23'	2.614
Collareja	CCS 1171	Tilcara	Casa Colorada	26° 34'	65° 20'	3.450
Collareja	CCS 1175	Humahuaca	Mercado			
Collareja	CCS 1186	Humahuaca	Palca de Aparzo	23° 06'	65° 08'	3.435
Collareja	CCS 1203	Humahuaca	Varas	23° 06'	65° 06'	3.678
Collareja	CCS 1205	Humahuaca	Molloc	23° 05'	65° 11'	3.727
Collareja	CCS 1212	Humahuaca	Chorcan	23° 03'	65° 12'	3.855
Collareja	CCS 1216	Humahuaca	Pucara	23° 12'	65° 15'	3.374
Collareja	CCS 1219	Humahuaca	Ocumazo	23° 14'	65° 15'	3.070
Collareja	CCS 1224	Humahuaca	Coctaca	23° 09'	65° 16'	3.286
Collareja	CCS 1232	Humahuaca	Hornaditas	23° 05'	65° 22'	3.195
Collareja	CCS 1233	Humahuaca	Hornaditas	23° 05'	65° 22'	3.195
Collareja	CCS 1304	Santa Catalina	Casira	21° 59'	65° 52'	3.664
Collareja	CCS 1322	Cochinoca	Agua Caliente	22° 50'	65° 04'	3.195
Collareja	CCS 1380	Tumbaya	Patacal	23° 42'	65° 32'	2.629
Collareja	CCS 1388	Tumbaya	Cieneguillas	23° 40'	65° 32'	2.900
Collareja	CCS 1403	Tumbaya	Cárcel	23° 48'	65° 31'	2.493
C. redonda	CI 751	Humahuaca	Chaupi Rodero	22° 57'	65° 17'	3.500

C. redonda	CCS 1320	Cochinoca	Agua Caliente	22° 50'	66° 04'	3.561
C. redonda	CCS 1324	Cochinoca	Agua caliente	22° 50'	65° 04'	3.561
C. redonda	CCS 1327	Cochinoca	Rachaite	22° 59'	66° 09'	3.435
C. redonda	CCS 1328	Cochinoca	Rachaite	22° 59'	65° 09'	3.435
C. redonda	CCS 1331	Cochinoca	Rachaite	22° 59'	65° 09'	3.435
C. redonda	CCS 1362	Tumbaya	El Moreno	23° 51'	65° 49'	3.528
C. redonda	CCS 1368	Cochinoca	Quebraleña	23° 17'	65° 46'	3.618
C. redonda	CCS 1372	Cochinoca	Agua Castilla	23° 12'	65° 48'	3.524
C. redonda	CCS 1432	Gral. Belgrano	Cuevas			
Condorilla	CCS 1201	Humahuaca	Varas	23° 69'	65° 06'	3.678
Corazón morado	CI 776	Valle Grande	Santa Ana	23° 20'	65° 02'	3.500
Cuarentilla	CL 765 b	Valle Grande	Valle Colorado	23° 27'	64°59'	2.800
Cuarentilla	CL 773	Valle Grande	Santa Ana	23° 20'	65° 02'	3.500
Cuarentilla	CL 775	Valle Grande	Santa Ana	23° 20'	65° 02'	3.500
Cuarentilla toscra	CL 821	Valle Grande	Santa Ana	23° 20'	65° 02'	3.500
Cuarentona	CL 674	Yavi	Yavi Viejo	22° 07'	65° 28'	3.440
Cuarentona	CCS 1353	Tumbaya	El Angosto	23° 55'	65° 49'	3.607
Cuarentona	CCS 1359	Tumbaya	El Moreno	23° 51'	65° 49'	3.528
Cuarentona	CCS 1409	Gral. Belgrano	Papa Chacra	24° 00'	65° 33'	2.420
Cuarentona	CCS 1412	Gral. Belgrano	Papa Chacra	24° 00'	65° 33'	2.420
Cuarentona	CCS 1430	Gral. Belgrano	Cuevas			
Cuarentona colorada	CCS 1166	Tilcara	Casa Colorada	26° 34'	65° 21'	3.088
Cuarentona color.	CCS 1169	Tilcara	Casa Colorada	26° 34'	65° 20'	3.450
Cuarentona color.	CCS 1424	Gral. Belgrano	Papa Chacra	24° 00'	65° 33'	2.420
Cuarentona morada	CCS 1414	Gral. Belgrano	Papa Chacra	24° 00'	65° 33'	2.900
Chacarera	CCS 1167	Ticara	Casa Colorada	26° 34'	65° 21'	3.088
Chacarera	CCS 1168	Ticara	Casa Colorada	26° 34'	65° 21'	3.088
Chacarera	CCS 1217	Humahuaca	Ocumazo	23° 14'	65° 15'	3.070
Chacarera	CCS 1228	Humahuaca	Coctaca	23° 08'	65° 17'	3.168
Chacarera	CCS 1371	Cochinoca	Quebraleña	23° 17'	65° 46'	3.618
Chacarera	CCS 1394	Tumbaya	Est. Grande	23° 36'	65° 93'	3.369
Chacarera	CCS 1404	Tumbaya	Carcel	23° 48'	65° 31'	2.493
Chacarera	CCS 1429	Gral. Belgrano	Cuevas			
Chaqueña	CCS 1408	Gral. Belgrano	Papa Chacra	24° 00'	65° 33'	2.420
Chaqueña	CCS 1418	Gral. Belgrano	Papa Chacra	24° 00'	65° 33'	2.900
Churqueña negra	CCS 1378	Tumbaya	Patacal	23° 42'	65° 32'	2.629
Imilla	CL 668 A	Yavi	La Quiaca Vieja	22° 06'	65° 36'	3.442
Imilla	CCS 1428	Gral. Belgrano	Cuevas			
Malgacha	CCS 1299	Santa Catalina	Casira	21° 59'	65° 52'	3.664
Malgacha	CCS 1335	Susques	Corral Blanco	23° 22'	66° 23'	3.587
Malgacha	CCS 1337	Susques	Corral Blanco	23° 22'	66° 23'	3.587
Moradita	CCS 1172	Tilcara	Casa Colorada	26° 34'	65° 20'	3.450
Moradita	CCS 1307	Santa Catalina	Cabreria	22° 05'	66° 15'	3.700
Moradita	CCS 1330	Cochinoca	Rachaite	22° 59'	66° 09'	3.435
Moradita	CCS 1374	Cochinoca	Agua de Castilla	23° 12'	65° 48'	3.524
Navecilla	CL 783	Valle Grande	Santa Ana	23° 20'	65° 02'	3.500
Negra redonda	CL 820	Valle Grande	Santa Ana	23° 20'	65° 02'	
Ojosa	CL 665	Yavi	Yavi Viejo	22° 06'	65° 36'	3.442
Ojosa	CCS 1257	Rinconada	Rinconada	22°25'	66° 09'	3.709
Ojosa	CCS 1305	Santa Catalina	Casira	21°59'	65° 52'	3.664
Ojos Colorados	CCS 1165	Tilcara	Casa Colorada	26° 34'	65° 21'	3.088
Ojos Colorados	CCS 1170	Tilcara	Casa Colorada	26° 34'	65° 20'	3.450
Ojos Colorados	CCS 1188	Humahuaca	Palca de Aparzo	23° 06'	65° 08'	3.435
Ojos Colorados	CCS 1402	Tumbaya	Cárcel	23° 48'	65° 31'	2.493
Overa	CI 657	Yavi	Yavi	22° 07'	65° 28'	3.440
Overa	CI 663	Yavi	Yavi	22° 07'	65° 28'	3.440

Overa	CI 748	Humahuaca	Chaupi Rodero	22° 56'	65° 17'	3.500
Overa	CCS 1193	Humahuaca	Palca de Aparzo	23° 07'	65° 08'	3.646
Overa	CCS 1194	Humahuaca	Palca de Aparzo	23° 07'	65° 08'	3.646
Overa	CCS 1196	Humahuaca	Palca de Aparzo	23° 07'	65° 08'	3.646
Overa	CCS 1366	Tumbaya	El Moreno	23° 51'	65° 49'	3.528
Papa Oca	CCS 1197	Humahuaca	Palca de Aparzo	23° 07'	65° 08'	3.646
Papa Oca	CCS 1200	Humahuaca	Varas	23° 06'	65° 06'	3.778
Papa Oca	CCS 1206	Humahuaca	Molloc	23° 05'	65° 11'	3.727
Pera o señorita	CCS 1383	Tumbaya	Patacal	23° 42'	65° 32'	2.629
Rosada	CI 761	Valle Grande	Valle Grande	23° 29'	65° 59'	2.200
Rosada	CCS 1157	Tilcara	Maimara	23° 36'	65° 24'	2.371
Rosada	CCS 1256	Rinconada	Rinconada	22° 25'	66° 09'	3.709
Rosada	CCS 1321	Cochinoca	Agua Caliente	22° 50'	66° 04'	3.561
Rosada	CCS 1343	Tumbaya	El Angosto	23° 51'	65° 49'	3.607
Rosada	CCS 1356	Tumbaya	El Angosto	23° 55'	65° 49'	3.607
Rosada	CCS 1364	Tumbaya	El Moreno	23° 51'	65° 49'	3.528
Rosada	CCS 1420	Gral. Belgrano	Papa Chacra	24° 00'	65° 33'	2.900
Rosada	CCS 1434	Gral. Belgrano	Cuevas			
Runa	CI 738	Humahuaca	Chaupi Rodero	22° 57'	65° 17'	3.500
Runa	CI 739	Humahuaca	Chaupi Rodero	22° 57'	65° 17'	3.500
Runa	CI 750	Humahuaca	Chaupi Rodero	22° 57'	65° 17'	3.500
Runa	CCS 1225	Humahuaca	Coctaca	23° 09'	65° 16'	3.286
Runa	CCS 1258	Rinconada	Rinconada	23° 25'	66° 09'	3.709
Runa	CCS 1301	Santa Catalina	Casira	21° 59'	65° 52'	3.664
Runa	CCS 1377	Tumbaya	Mercado			
Runa	CCS 1381	Tumbaya	Patacal	23° 42'	65° 32'	2.629
Santa María	CI 658	Yavi	Yavi Viejo	22° 07'	65° 28'	3.440
Tonca	CCS 1396	Tumbaya	Est. Grande	23° 36'	65° 93'	3.369
Tuni	CI 660	Yavi	Yavi Viejo	22° 07'	65° 28'	3.440
Tuni	CI 673	Yavi	Yavi Viejo	22° 06'	65° 28'	3.440
Tuni	CI 742	Humahuaca	Chaupi Rodero	22° 56'	65° 17'	3.500
Tuni	CCS 1176	Humahuaca	Mercado			
Tuni	CCS 1348	Tumbaya	El Angosto	23° 55'	65° 49'	3.607
Tuni	CCS 1365	Tumbaya	El Moreno	23° 51'	65° 49'	3.528
Tuni	CCS 1375	Tumbaya	Mercado			
Tuni	CCS 1393	Tumbaya	Est. Grande	23° 36'	65° 93'	3.369
Tuni blanca	CI 784	Valle Grande	Santa Ana	23° 20'	65° 02'	3.500
Tuni blanca	CCS 1199	Humahuaca	Palca de Aparzo	23° 07'	65° 28'	3.440
Tuni blanca	CCS 1247	Cochinoca	Ojo de Agua	22° 59'	66° 00'	3.374
Tuni blanca	CCS 1386	Tumbaya	Cieneguillas	23° 40'	65° 32'	2.900
Tuni morada	CCS 1229	Humahuaca	Coctaca	23° 08'	65° 17'	3.168
Tuni morada	CCS 1387	Tumbaya	Cieneguillas	23° 40'	65° 32'	2.900
Tuni rosada	CI 782	Valle Grande	Santa Ana	23° 20'	65° 02'	3.500
Tuni rosada	CCS 1248	Cochinoca	Ojo de Agua	22° 59'	66° 00'	3.374
Yaguana	CCS 1340	Susques	Sala	23° 25'	66° 14'	3.496

Solanum tuberosum ssp. *tuberosum*

Abajeña colorada	CL 796	Valle Grande	Santa Ana	23° 20'	65° 02'	3.500
Rosada	CCS 1255	Rinconada	Rinconada	22° 26'	66° 00'	3.824
Rosada	CCS 1295	Santa Catalina	Casira	21° 59'	65° 52'	3.664
Desiree	CCS 1298	Santa Catalina	Casira	21° 59'	65° 52'	3.664
Holandesa	CCS 1300	Santa Catalina	Casira	21° 59'	65° 52'	3.664
Desiree		PROPAPA INTA	Balcarce			
Achirana		PROPAPA INTA	Balcarce			
Calén		PROPAPA INTA	Balcarce			

Solanum curtilobum

Papa luqui	CCS 1209	Humahuaca	Chorcan	23° 03'	65° 12'	4.001
------------	----------	-----------	---------	---------	---------	-------



Fig. 1. Ubicación de los departamentos y localidades donde se coleccionaron los clones analizados de las ssp. de *S. tuberosum* y *S. curtilobum*

El sobrenadante se transfirió a un nuevo tubo y se precipitó el ADN con 500 μ l de etanol:acetato de sodio 3M (96 :4). Se centrifugó 10 minutos 14.000 r.p.m. y el precipitado se lavó con etanol al 70%. Las muestras de ADN se secaron a temperatura ambiente, dejando los tubos invertidos durante toda la noche. Posteriormente se resuspendieron en 200 μ l de TE 10:1 (Tris 10 mM pH 8, EDTA 1mM) y se incubó con 1 μ l de ARNsa con el fin de eliminar el ARN de las muestras.

2.2. Cuantificación y estimación del ADN genómico

2.2.1. Por espectrofotometría

La concentración de ADN se midió mediante un espectrofotómetro (Bio-Rad Smart Spec) en función de la absorbancia a 260 nm de diluciones 1:50 del ADN en agua, utilizando la siguiente ecuación:

$$\text{Concentración de ADN } (\mu\text{/ml}) = \text{OD } 260 \times 50 \mu\text{/ml} \times \text{factor de dilución}$$

La calidad del ADN se evaluó mediante el cociente entre las absorbancias a 260 y 280 nm y se consideró aceptable cuando este valor se ubicó entre 1,8 y 2.

2.2.2. En geles de agarosa

Para verificar la concentración y la calidad del ADN se sembraron 5 μ l de ADN y 2 μ l de colorante azul de bromofenol en un gel de agarosa al 1% en TBE 0,5x (Tris base, Ac. Bórico, EDTA 0,5 M pH 8) con bromuro de etidio. La electroforesis se realizó a 100 voltios durante una hora. Los geles se observaron en un transiluminador de luz ultravioleta y se fotografiaron con una cámara Polaroid con films de alta sensibilidad (ASA 3000). La concentración de ADN se ajustó a 100 ng/ml con el agregado de agua deionizada estéril. Las muestras de ADN se conservaron a -20°C .

2.3. Amplificación de microsatélites (SSRs)

Se utilizaron cuatro pares de "primers" desarrollados a partir de regiones flanqueantes de secuencias simples repetidas (2-6 pb) del genoma nuclear de *S. tuberosum* sp. *tuberosum* L. (Milbourne *et al.*, 1998) (Tabla 2).

Tabla 2. SSRs analizados en este estudio.

SSR	Secuencia repetida	Producto (bp)	Localización en el cromosoma
STM 0031	(AC)5...(AC)3(GCAC)(AC)2(GCAC)2	172	VII
STM 1104	(TCT)5	168	VIII
STM 1106	(ATT)13	156	X
STM 2005	(CTGTTG)3	166	XI

Los cuatro pares de "primers" se seleccionaron por presentar un alto poder de discriminación entre variedades comerciales de *S. tuberosum* ssp. *tuberosum* (Norero *et al.*, 2003).

Cada reacción de amplificación se efectuó en un volumen de 25 μ l compuesto por: 2,5 mM de $MgCl_2$, 1x Buffer de reacción (75 mM Tris-HCl, pH 8,8, 20 mM $(NH_4)_2SO_4$, 0,01% (v/v) Tween 20), 0,2 mM dNTPs, 0,1 μ M de cada uno de los "primers", 0,5 u de Taq Polimerasa (Thermoprime Abgene, Reino Unido) y 50 ng de ADN. La amplificación se llevó a cabo en dos cicladores térmicos MJ Research PTC-100 y Biometra Uno-thermoblock, equivalentes entre sí, bajo las siguientes condiciones:

	T°C	Tiempo	
Desnaturalización inicial	94°C	3 minutos	
Desnaturalización	94°C	15 segundos	} 35 ciclos
Apareamiento	54°C	30 segundos	
Extensión	72°C	30 segundos	
Extensión final	72°C	5 minutos	

Los productos de la amplificación fueron separados en geles de poliacrilamida al 6%, con buffer TBE 1x, en una minicuba vertical refrigerada

CBS Doble unit, MGV 202.33 (CBS Scientific, California, EEUU) a 150 voltios durante una hora. Se utilizó un marcador de 100, 200 y 300 pb (Cien Marker, Biodynamics SRL, Argentina). La tinción se efectuó con Bromuro de Etidio (0,5 $\mu\text{g/ml}$) y luego los geles fueron visualizados con radiación ultravioleta (312nm) y fotografiados. Para cada SSR y para cada clon se registró la presencia (1) y ausencia (0) de bandas.

2.4. Análisis de los datos

2.4.1. Índice de contenido polimórfico

Para cada SSR, a partir del número de patrones de bandas encontrados y su frecuencia, se calculó el Índice de Contenido Polimórfico (PIC: "Polymorphism Index Content") según Anderson (1993):

$$\text{PIC} = 1 - \sum_{i=1}^n P_i^2$$

donde P_i es la frecuencia del *i-ésimo* patrón y n es número de patrones observados. El PIC cuantifica el poder de discriminación del marcador, proporcionando información sobre el polimorfismo detectado con cada SSR y en cada variedad.

El valor del PIC es cero cuando se encuentra un sólo patrón e incrementa su valor al aumentar el número de patrones, acercándose a la unidad cuando hay un número alto de patrones con frecuencias similares.

2.4.2. Análisis de Coordenadas Principales

El análisis de coordenadas principales es un método de ordenación apropiado cuando las variables son cualitativas y su objetivo es llegar a una representación geométrica de los n individuos a través de una medida de distancia que respete la estructura de similitudes definida por la matriz de similitud (Gower, 1966).

El análisis de coordenadas principales se realizó por grupo de variedades, definidos previamente de acuerdo a la similitud fenotípica de las

mismas en cuanto a las características del tubérculo. De esta manera, quedaron conformados cuatro grupos:

Grupo I. Tubérculos de forma redonda, ovados, obovados, oblongos. Piel de color pardo, pardo rojiza o marrón, amarillos con color secundario violáceo o áreas de color violeta distribuidas principalmente en la zona apical. Carne blanca, crema o amarilla. Ojos medios a profundos, distribuidos principalmente en la zona apical.

Variedades: "Runa", "Collareja", "Collareja redonda", "Churqueña negra", "Yaguana".

Grupo II. Tubérculos de forma redonda, ovados, largo-oblongos, fusiforme, irregulares. Color de la piel morado, azul. Color secundario de la piel amarillo o marrón, distribuido irregularmente o alrededor de los ojos. Color de la carne blanca, crema, amarilla. Ojos profundos a veces superficiales, distribuidos en la zona apical o regularmente.

Variedades: "Moradita", "Azul o Sallama", "Imilla", "Overa", "Navecilla", "Negra redonda", "Ojosa".

Grupo III. Tubérculos de forma redonda, ovada, obovada, ovado-alargada, largo-oblonga. Color de la piel amarilla, rosado, rojo, rojo-púrpura, con color secundario amarillo, rojo o morado, distribuido irregularmente o alrededor de los ojos. Color de la carne blanca, amarilla, roja. Color secundario rojo, incluyendo el anillo vascular y/o médula. Ojos profundos a semiprofundos.

Variedades: "Colorada", "Colorada boliviana", "Colorana", "Cuarentona", "Cuarentona colorada", "Cuarentona morada", "Cuarentilla colorada", "Tonca", "Rosada", "Airampía", "Ojos colorados", "Pera o Señorita", "Chaqueña", "Santa María".

Grupo IV. Tubérculos de forma redonda, oblonga, largo-oblonga, aplanada. Color de piel amarilla o morada, en este último caso de forma aplanada. Color de la carne blanca, crema o amarilla. Color secundario púrpura, principalmente el anillo vascular y/o médula. Ojos protuberantes, superficiales, semiprofundos y profundos.

Se incluyeron tres clones pertenecientes a variedades de *S. tuberosum* L. ssp. *tuberosum* utilizados como grupos taxonómicamente relacionados en el grupo IV.

Se consideró cada clon analizado como una unidad taxonómica operacional (OTU), y los caracteres medidos fueron las bandas electroforéticas. Para cada uno de los grupos, se construyó una matriz básica de datos y se calculó la distancia entre las OTUs mediante el coeficiente de emparejamiento simple o "simple matching" (Sokal y Michener, 1958).

$$\text{Índice de Emparejamiento Simple} = \frac{a + d}{a + b + c + d}$$

donde a y d son las frecuencias con que la presencia o ausencia de características es común en ambos individuos. Por el contrario b y c contabilizan las discrepancias con que aparecen las características.

Se obtuvo una matriz de similaridad que fue transformada mediante doble centrado, y a partir de esta matriz se calcularon y graficaron los autovectores. El procesamiento de los datos se realizó con el programa NTSYS (versión 2.1) (Rohlf, 2000).

Para medir el grado con que el análisis de coordenadas principales representa los valores de la matriz de similitud se calculó el coeficiente de correlación cofenético (Sokal y Rohlf, 1962).

2.4.3. Árbol de mínima distancia

Este método es más comúnmente conocido por su denominación en inglés "Minimum Spanning Tree" o MST. Dado n puntos en un espacio de k variables, al que se asocia una matriz de similaridad, el MST consiste en un gráfico que conecta a esos n puntos, que pueden corresponder a individuos o taxones, por las distancias más cortas que los separan. Los dendrogramas obtenidos mediante este análisis constituyen una representación gráfica de las relaciones entre taxa en el espacio de variables originales. Superpuesto sobre la configuración obtenida mediante cualquier método de ordenación, permitirá

evaluar en qué consistió la pérdida de información que se produjo por la reducción de la dimensión, y así tener en cuenta estas distancias en el espacio original al conformar los grupos (Bramardi, 2000).

En este trabajo se calculó un árbol de mínima distancia y se superpuso sobre la proyección de las OTUs en el análisis de coordenadas principales, uniendo a las OTUs según las distancias mínimas reales que las mismas tienen en la totalidad de las dimensiones en que está expresada la información, permitiendo una más fácil identificación de los posibles agrupamientos.

2.4.4. Análisis de la varianza molecular

Con el objetivo de analizar la distribución de la diversidad genética de *adg* entre departamentos y entre sitios dentro de cada departamento, se efectuó un análisis de la varianza molecular (AMOVA) (Tabla 3), a partir de una matriz de distancia cuadrada euclideana entre todos los pares de patrones observados. La significancia de los componentes de la varianza fue probada utilizando el procedimiento de permutación no paramétrico, eliminando la asunción de normalidad que es un requisito en el análisis de varianza, pero inapropiado para datos moleculares (Excoffier *et al.*, 1992). El análisis molecular de la varianza se realizó mediante el programa estadístico Arlequín (Versión 2000) (Schneider *et al.*, 2000).

Tabla 3. Análisis de la varianza molecular (AMOVA).

Fuente de Variación	Grados de Libertad	Suma de Cuadrados	Esperanza de los Cuadrados Medios
Entre departamentos	P - 1	SCED	$n\sigma_a^2 + \sigma_b^2$
Dentro de departamentos	N - P	SCDD	σ_b^2
Total	N - 1	SCT	σ_T^2

Donde:

P= número total de departamentos

N=número de clones

SCED= suma de cuadrados entre departamentos

SCDP= suma de cuadrados dentro de departamentos

SCT= suma de cuadrados totales

$$n = \frac{N - \sum_p \frac{N_p^2}{N}}{P - 1}$$

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

1. Análisis de la Diversidad Genética

Se llevó a cabo el análisis de la diversidad genética a partir del patrón de bandas observados para cada clon. Debido a que el número de bandas en algunos casos fue mayor al que se esperaría de acuerdo al nivel de ploidía de la especie, no fue posible asignar cada banda a un alelo específico. Aún en el caso en el que se pudieran identificar los alelos para un locus determinado, otra limitante es determinar la dosis alélica lo que impide establecer la constitución de cada genotipo. El mismo procedimiento de análisis utilizado en este estudio fue empleado por Provan *et al.* (1999) en un análisis de diversidad genética en cultivares de *S. tuberosum* ssp. *tuberosum* y por McGregor *et al.* (2000b) en la identificación de cultivares de la misma especie, mediante el uso de microsatélites.

1.1. Índice de Contenido Polimórfico (PIC)

El número de patrones observados con cada marcador varió entre 13 y 33 y el PIC entre 0,80 y 0,92. En la Tabla 4, se detalla el número de bandas, patrones observados y valor del PIC para cada marcador utilizado. El marcador STM 1106, resultó monomórfico en las variedades "Collareja", "Overa", "Ojosa". En la variedad "Malgacha" solamente el marcador STM 1104 generó bandas polimórficas mientras que en las variedades "Papa Oca", "Chaqueña" y "Ojos colorados" todos los marcadores resultaron monomórficos.

Tabla 4. Número de bandas, patrones y PIC observados para cada SSR analizado.

SSR	Número de bandas	Número de patrones	Valor PIC
STM 0031	10	25	0.92
STM 1104	15	33	0.91
STM 1106	9	14	0.80
STM 2005	12	19	0.88

Para el cálculo del índice de Contenido Polimórfico no se consideraron los diferentes morfotipos por separado por ej. "Tuni morada", "Tuni rosada", "Tuni blanca" sino que fueron tratados como una única variedad, "Tuni".

Cuando se analiza el valor PIC para cada marcador, se observan diferencias en el polimorfismo detectado con cada uno de ellos en cada una de las variedades analizadas (Fig. 2). Así para las variedades "Collareja", "Runa", "Overa", "Ojosa", "Cuarentona" y "Colorada" el marcador STM 1104 tuvo el valor PIC más alto. En la variedad "Tuni", el marcador STM 2005 fue el de mayor poder discriminante, mientras que en la variedad "Blanca" resultó mejor el marcador STM 0031. En las variedades "Moradita" y "Rosada" tanto el marcador STM 1104 como el marcador STM 0031 presentaron el mismo valor de PIC. En la variedad "Azul" no se observaron diferencias en cuanto al polimorfismo detectado con los marcadores STM 2005, 0031 y 1104, mientras que en la variedad "Chacarera" todos los marcadores tuvieron el mismo valor PIC.

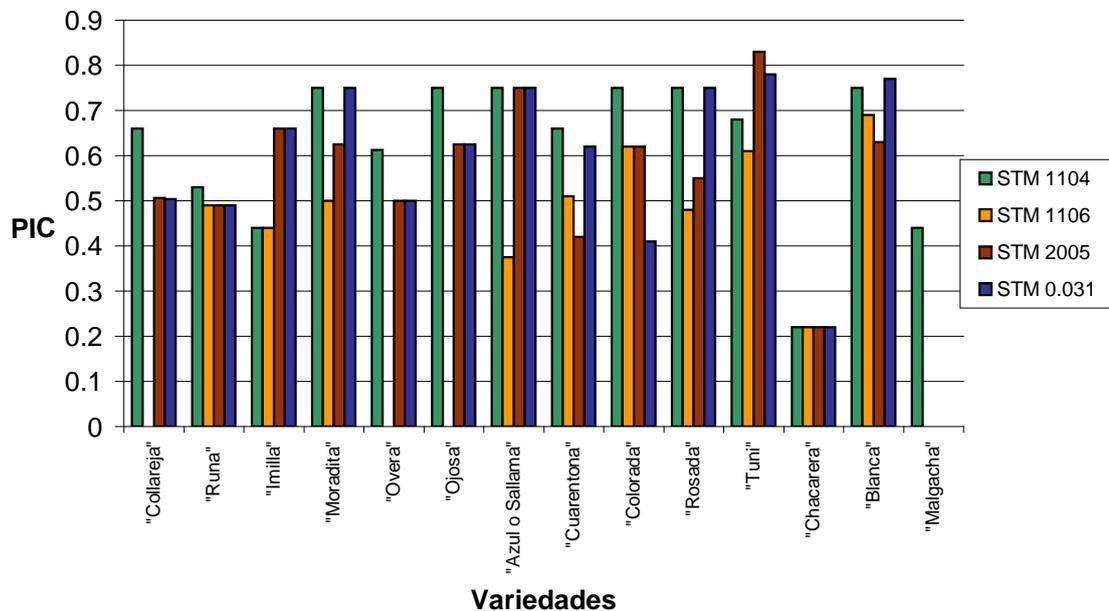


Fig. 2. Índice de Contenido Polimórfico (PIC) para cada SSR y variedad.

En la figura no están representadas las variedades “Negra redonda”, “Navecilla”, “Condorilla” y “Papa Luqui” (*S. curtilobum*), debido a que se analizó un solo clon por variedad. Por otra parte, en las variedades “Chaqueña”, “Papa oca” y “Ojos Colorados”, el valor del PIC fue cero debido a que todos los clones presentaron un único patrón con cada uno de los marcadores analizados.

Cuando se considera un valor promedio de PIC para cada una de las variedades (Fig. 3), se observa que la variedad “Tuni” fue la más polimórfica (PIC=0.725), mientras que la variedad “Malgacha” fue la menos diversa (PIC=0.12).

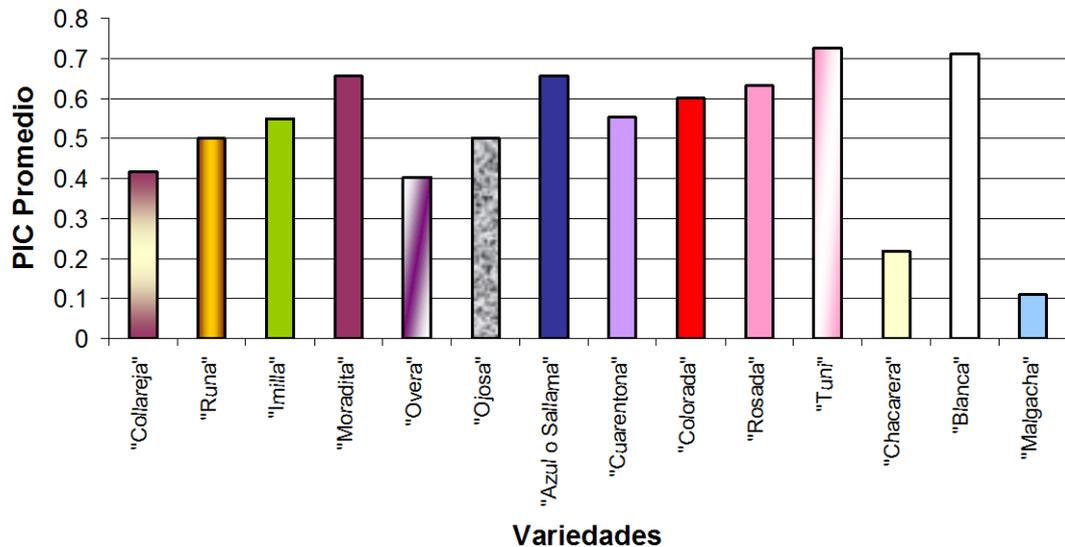


Fig. 3. Índice de Contenido Polimórfico (PIC) promedio para cada una de las variedades.

1.2. Análisis de Coordenadas Principales (ACoordP) y Árbol de Mínima Distancia (MST)

1.2.1. Grupo I

Este grupo estuvo compuesto por 41 clones, que fueron coleccionados con diferentes nombres: “Collareja” (21 clones), “Collareja redonda” (10 clones), “Churqueña negra” (un clon), “Yaguana” (un clon) y “Runa” (ocho clones). También se incluyeron los clones CI 821, CCS 1247 y CCS 1367, coleccionados con los nombres de “Cuarentilla toscra”, “Tuni blanca” y “Blanca rosada” respectivamente, por presentar patrones electroforéticos y características morfológicas de los tubérculos similares a las variedades analizadas en este grupo.

Al aplicar el análisis de coordenadas principales sobre la matriz de similitud se encontró que las tres primeras coordenadas explicaron un porcentaje de la variabilidad total igual a 50, 26 y 10 % respectivamente.

En la Fig. 4 se presenta el gráfico correspondiente a las coordenadas principales 1 y 2. El grado de ajuste estimado a través del coeficiente de correlación cofenético fue alto ($r=0,96$). Los resultados permiten visualizar gráficamente la presencia de varios genotipos en las variedades “Runa” y “Collareja” (Fig. 4). Cabe destacar que la variedad “Collareja”, denominada también como “Chorcoyeña” y “Churqueña”, tiene una amplia distribución en el noroeste (Huarte *et al.*, 1991) y ha sido coleccionada en todos los departamentos muestreados. Se analizaron 31 clones de esta variedad pero solo se detectaron cinco genotipos. Esto está indicando que hay clones duplicados en la colección o que la variabilidad genotípica no pudo ser detectada totalmente con los cuatro microsátélites. Así por ejemplo el genotipo 1, ubicado en el cuadrante superior derecho en el análisis de coordenadas principales (Fig.4), encontrado en 17 clones, corresponde a la variedad típica “Collareja”, la cual se caracteriza por presentar tubérculos ovados, color de la piel amarillo y púrpura, principalmente en la zona apical y ojos medios con una distribución predominante en la zona apical. Este genotipo tiene una amplia distribución en la provincia de Juyuy, encontrándose en los departamentos de Cochinoaca, Humahuaca, Valle Grande, Tilcara, Tumbaya y también en el dpto.

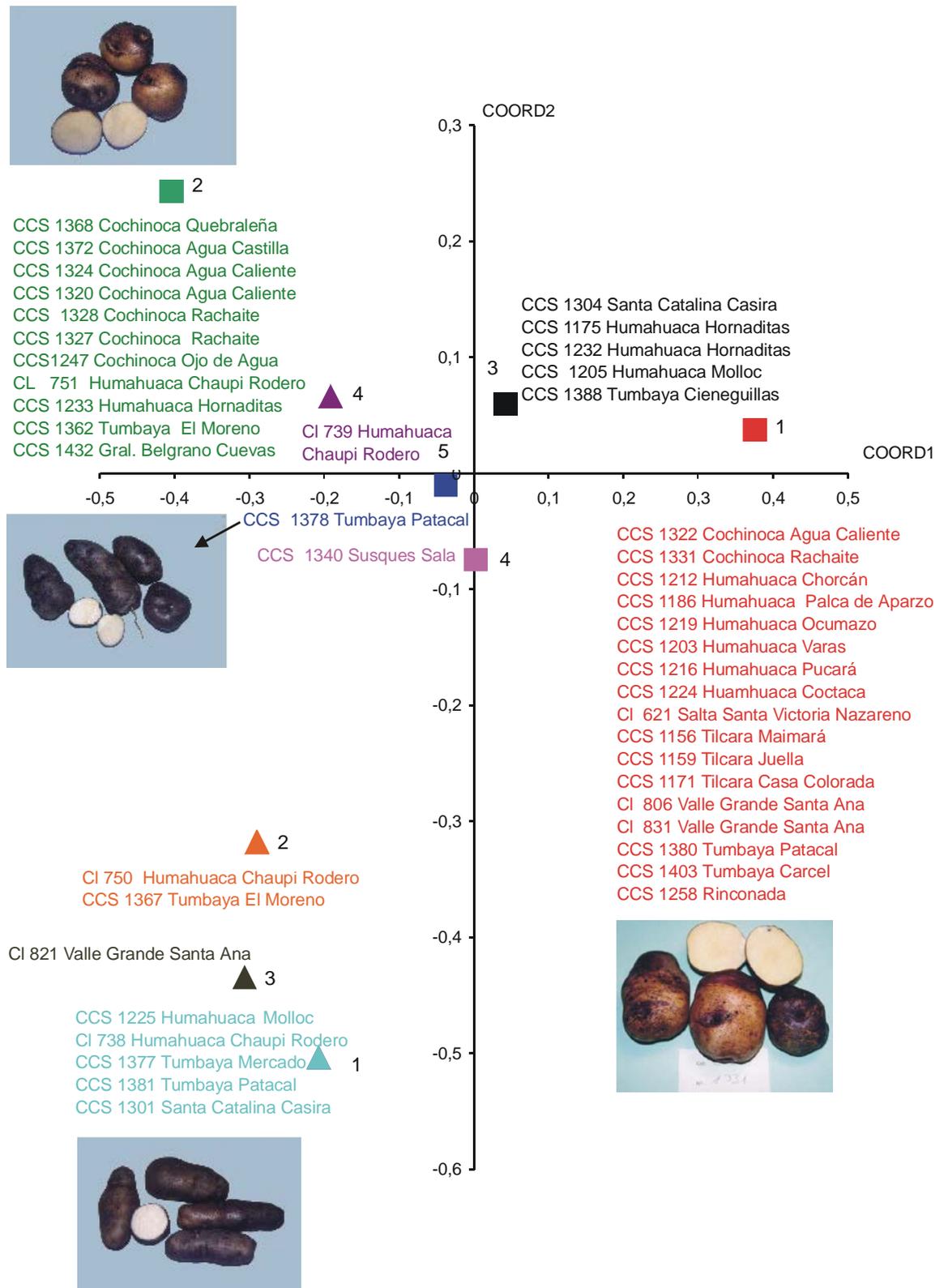


Fig. 4. Análisis de coordenadas principales correspondiente al grupo I. Representación de las variedades sobre las dos primeras coordenadas.

■ “Collareja”s “Runa”

de Santa Victoria de la provincia de Salta (Fig.5). Uno de los clones (CCS 1258) que presenta este genotipo y que proviene del dpto. de Rinconada, correspondería probablemente a la variedad "Runa" si se consideran los datos de colección y descripción morfológica, por lo que se debe corroborar la identidad de este material.

El genotipo 2, ubicado en el cuadrante superior izquierdo, encontrado en 11 clones, uno de los cuales (CCS 1247) fue coleccionado con el nombre de "Tuni rosada", corresponde al morfotipo "Collareja redonda", que se diferencia de la variedad típica por la forma redonda de los tubérculos. Este genotipo se encuentra distribuido en los dptos. de Cochinoaca, Humahuaca, Tumbaya y Gral. Belgrano (Fig. 5).

El genotipo 3, ubicado en el cuadrante superior derecho, fue encontrado en cinco clones de "Collareja", tres provenientes del dpto. de Humahuaca, uno de Santa Catalina y otro de Tumbaya. Estos clones se caracterizan por la disposición de los ojos regulares en el tubérculo, comparado con la forma típica de "Collareja", de distribución predominantemente apical.

Es de destacar que en los tres genotipos mencionados anteriormente, clones procedentes de diferentes sitios dentro de un mismo departamento, como por ejemplo, los pertenecientes a la forma típica CCS 1156, CCS 1159, CCS 1171 del dpto. de Tilcara, o por el contrario clones de un mismo sitio dentro de un dpto. pero provenientes de diferentes productores, como por ejemplo los clones de "Collareja redonda", CCS 1320 y CCS 1324 de la localidad de Agua Caliente, dpto. Cochinoaca, no se diferencian entre sí, probablemente esto es debido al intercambio de la misma semilla entre productores dentro del departamento. Por otra parte, también se ha encontrado que los clones CCS 1322 y CCS 1324 de diferentes productores de la localidad Agua caliente, del dpto. de Cochinoaca son distintos ya que presentan el genotipo 1 y 2 respectivamente.

Los genotipos 4 y 5 representados por los clones CCS 1340 y CCS 1378, se coleccionaron con los nombres de "Yaguana" y "Churqueña negra" respectivamente, pero fenotípicamente, se asemejan a "Collareja", por lo cual podrían tratarse de otros morfotipos dentro de la variedad. El clon denominado

“Churqueña negra” se caracteriza por presentar tubérculos de forma ovado-oblonga, color de la piel parda y púrpura alrededor de los ojos, color de la carne blanca y ojos profundos. El clon denominado “Yaguana” se diferencia del clon mencionado anteriormente por el color crema de la carne.

La variedad “Runa” se caracteriza por presentar morfotipos diferenciados por el color de las flores, de la carne y de la piel de los tubérculos (Huarte *et al.*, 1991). Los resultados del análisis de coordenadas principales, revelan la existencia de cuatro genotipos (Fig. 4). El genotipo 1 se encontró en cinco clones, provenientes de los dptos. de Tumbaya, Humahuaca y Santa Catalina que presentan tubérculos de forma ovada, color de la piel pardo rojiza, lisa, color de la carne blanco crema y ojos semisuperficiales distribuidos en forma regular. Esta similitud molecular y fenotípica permite suponer que son clones duplicados en la colección y que surgieron del intercambio de la semilla que se produce en los mercados (Rojas *et al.*, 1997) a los que acceden los agricultores desde zonas muy alejadas. El genotipo 2 se presentó en dos clones, CI 750 de Chaupi Rodero del dpto. de Humahuaca y CCS 1367 de El Moreno del dpto. de Tumbaya coleccionado con el nombre “Blanca rosada” y se diferencian de los clones descritos anteriormente por el porte decumbente de la planta. Los otros dos genotipos están representados por un clon cada uno. El clon CI 821 que presenta el genotipo 3, de Santa Ana del dpto. de Valle Grande, fue coleccionado con el nombre de “Cuarentilla toscra” y se caracteriza por los tubérculos ovados, color de la piel marrón con cejas de color púrpura, ojos medios a superficiales con mayor distribución en la parte apical. El otro genotipo (4) encontrado en el clon CI 739 de Chaupi Rodero del dpto. de Humahuaca, se ubica cercano a los genotipos de “Collareja”.

En la variedad “Runa”, tres clones procedentes de la localidad de Chaupi Rodero del dpto. de Humahuaca, pertenecientes a diferentes productores presentaron genotipos distintos (Fig. 5).

Al superponer el árbol de mínima distancia sobre la proyección de las OTUs en el análisis de coordenadas principales, uniendo a las mismas según las distancias mínimas reales, se observa que los genotipos de la variedad “Collareja” están interconectados formando un grupo separado de los tres

genotipos pertenecientes a la variedad "Runa" (Fig. 6), mientras que el genotipo representado por el clon CI 739, coleccionado con el nombre de "Runa", se encuentra más relacionado con los genotipos de la variedad "Collareja".

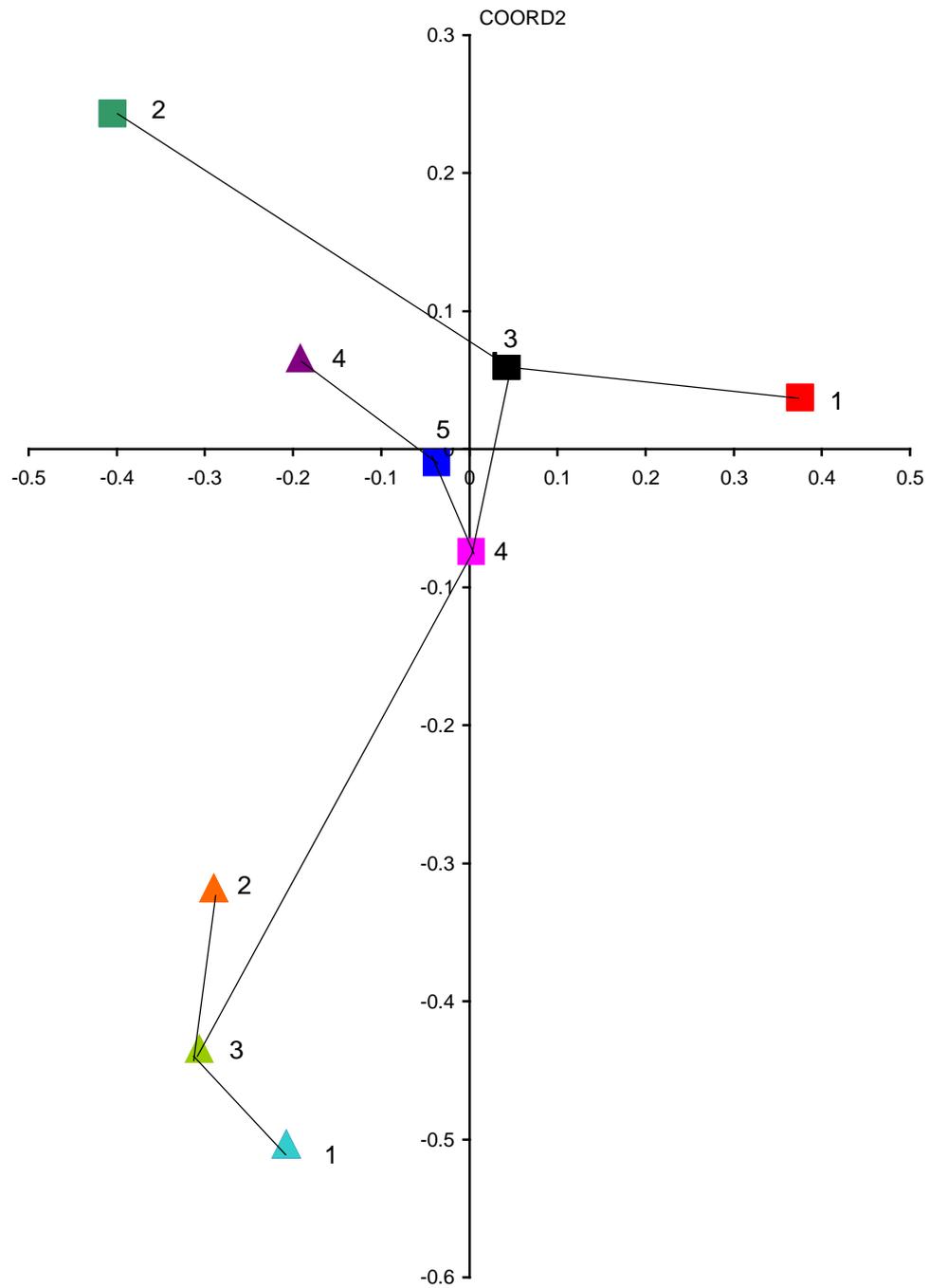


Fig. 6. Arbol de mínima distancia (MST) obtenido a partir de la matriz de similitud sobre la configuración del ACoordP para el grupo I. ■ “Collareja” σ “Runa”.

1.2.2. Grupo II

Este grupo estuvo integrado por 23 clones, que fueron coleccionados con los siguientes nombres: "Overa" (siete clones), "Ojosa" (tres clones), "Imilla" (dos clones), "Azul o Sallama" (cuatro clones), "Morada" (cuatro clones), "Navecilla" (un clon), "Negra redonda" (un clon) y "Condorilla" (un clon). También fueron incluidos dos clones, CCS 1428 y CCS 1353, coleccionados con el nombre de "Tuni" y "Cuarentona" respectivamente, por presentar patrones electroforéticos y características morfológicas coincidentes con las variedades de este grupo.

Al aplicar el análisis de coordenadas principales sobre la matriz de similaridad en este grupo, se encontró que las tres primeras coordenadas explicaron un porcentaje de la variabilidad total igual a 28, 15 y 10 % respectivamente.

En la Fig. 7 se presenta el gráfico correspondiente a las coordenadas principales 1 y 2. El grado de ajuste estimado a través del coeficiente de correlación cofenético fue alto ($r=0,85$). En la variedad "Overa" se distinguen tres genotipos (Fig. 7). El genotipo 1, que se ubica en el cuadrante inferior izquierdo, está representado por tres clones de la localidad de Palca de Aparzo del dpto. de Humahuaca, provenientes de tres productores diferentes. Este genotipo se caracteriza por presentar tubérculos de forma redonda, con ojos profundos, color de la carne crema y de la piel púrpura con un color secundario pardo amarillento. Estos clones pueden considerarse duplicados de acuerdo a los resultados obtenidos a partir de los cuatro microsatélites analizados y a sus similitudes morfológicas. En el mismo cuadrante se ubica el genotipo 2 encontrado en el clon coleccionado en la localidad El Moreno del dpto. de Tumbaya, que se distingue del anterior por el color amarillo de la piel de los tubérculos, con un color secundario púrpura distribuido en la base. El genotipo 3 de la variedad "Overa", se encuentra en el cuadrante inferior derecho, y se presenta en tres clones, dos de ellos de la localidad de Yavi y uno de la localidad de Chaupi Rodero del dpto. de Humahuaca. Las características de los

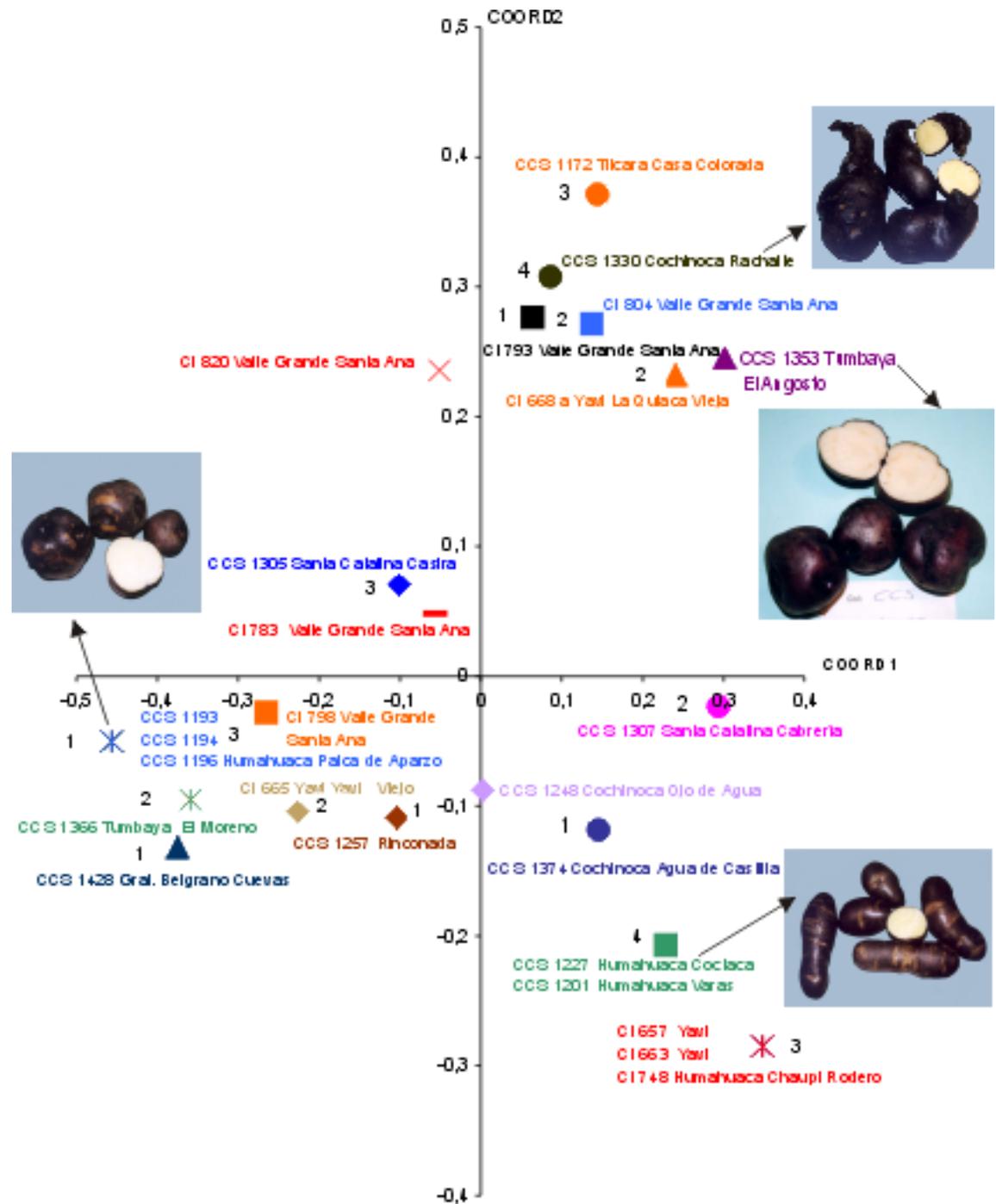


Fig. 7. Análisis de coordenadas principales correspondiente al grupo II. Representación de las variedades sobre las dos primeras coordenadas. ■ "Azul o Sallama" ● "Moradita" s "Imilla" ◆ "Ojosa" × "Negra redonda" ½ "Navecilla" ✱ "Overa"

tubérculos de estos clones coinciden con la descripción de la variedad "Condorilla", caracterizada por presentar tubérculos ovados a oblongos, color de la piel amarilla con áreas púrpuras distribuidas al azar.

Se encontró que los tres clones denominados "Ojosa" son genéticamente diferentes a partir del análisis de los cuatro microsatélites. Dos genotipos de esta variedad (1 y 2), están ubicados en el cuadrante inferior izquierdo junto a los genotipos pertenecientes a las variedades "Overa", "Imilla" y "Azul o Sallama" (Fig. 7), y el tercer genotipo (3) se encuentra en el cuadrante superior izquierdo. Si bien los clones, CCS 1257 y CCS 1305 (genotipos 1 y 3) son genéticamente diferentes, presentan las mismas características morfológicas de los tubérculos, los cuales son achatados antero posteriormente, de forma redonda, color de la piel amarilla con un color secundario púrpura en el ápice y alrededor de los ojos semiprofundos. El clon CI 665 de la localidad de Yavi, que fue coleccionado con el nombre de "Ojosa", se asemeja por el color de la piel púrpura oscuro de los tubérculos a los clones CI 798 y CI 793 de la variedad "Azul o Sallama". El genotipo, representado por el clon CCS 1248 de Ojo de Agua del dpto. de Cochín, coleccionado con el nombre de "Tuni", está relacionado con un genotipo de la variedad "Ojosa" (Fig. 8) y presenta características morfológicas del tubérculo similares.

En la variedad "Imilla", al igual de lo que ocurre en la variedad "Ojosa", los dos clones analizados son genéticamente diferentes, ubicados distantes, en diferentes cuadrantes en el análisis de coordenadas principales (Fig. 7). El genotipo 1, representado por el clon CCS 1428 del dpto. de General Belgrano, se ubica en el cuadrante inferior izquierdo junto a los genotipos de las variedades "Overa" y "Ojosa", y presenta características del tubérculo muy similares a las presentadas por los clones de la variedad "Overa". El genotipo 2 de la variedad "Imilla", representado por el clon CI 668 del dpto. de Yavi, se ubica en el cuadrante superior derecho (Fig. 7) y se relaciona con el clon CCS 1353 coleccionado con el nombre de "cuarentona" (Fig. 8). De acuerdo a estos resultados, los clones denominados "Imilla" por los agricultores son muy diferentes.

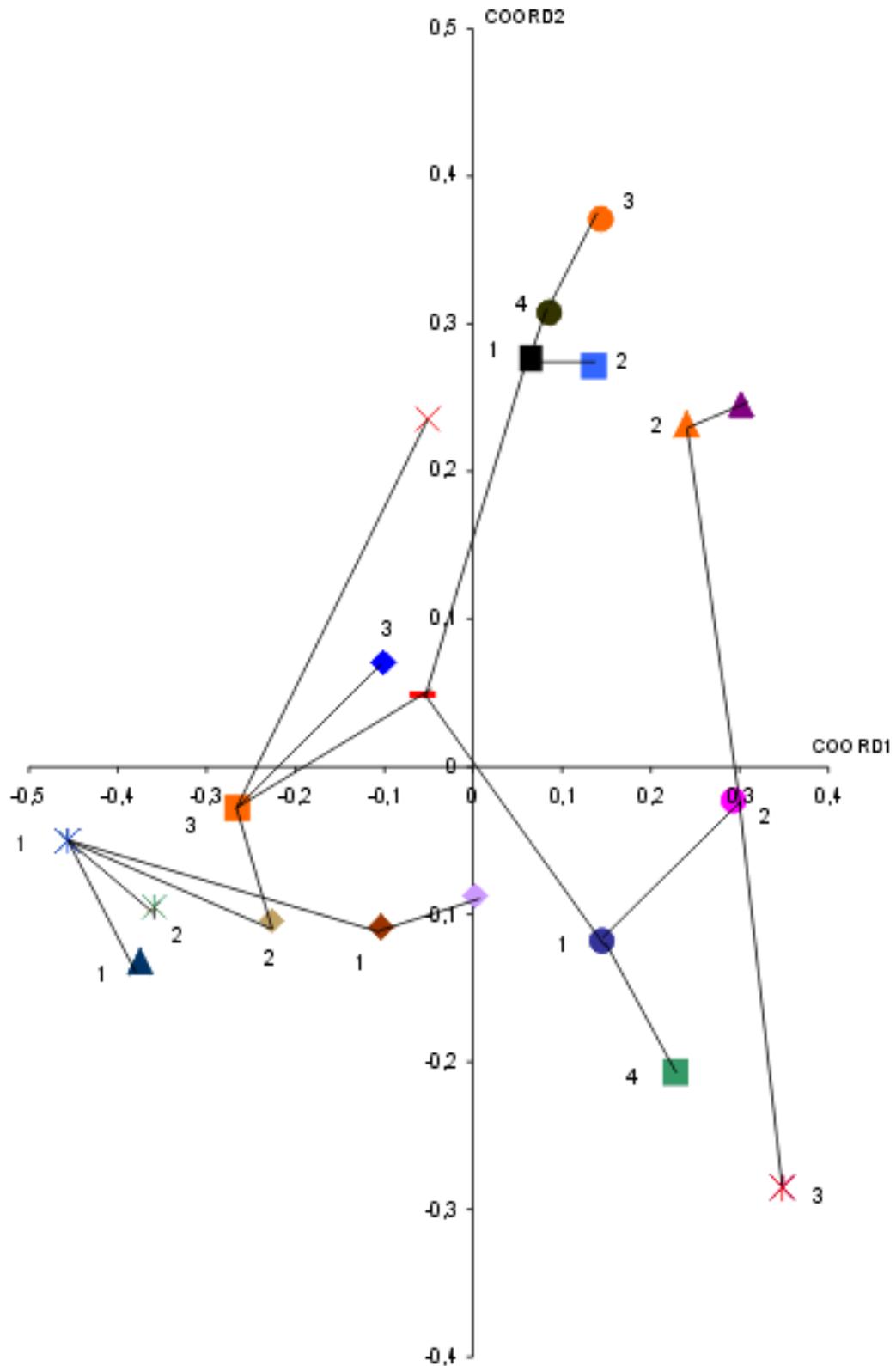


Fig. 8. Arbol de mínima distancia (MST) obtenido a partir de la matriz de similitud sobre la configuración ACoordP para el grupo II. ■ "Azul o Sallama" × "Negra redonda" ½ "Navecilla" ✕ "Overa" ● "Moradita" s "Imilla" ◆ "Ojosa"

En el árbol de mínima distancia (Fig. 8), se observa en el cuadrante inferior izquierdo un grupo de clones relacionados que han sido coleccionados con los nombres de "Overa", Imilla", "Azul o Sallama" y Ojosa", los cuales se asemejan en la forma del tubérculo y presentan ciertas diferencias en el color de la piel.

Hawkes y Hjerting (1969) describen tres variedades, "Negra Overa", "Overa Blanca" y "Overa Negra", las cuales pueden recibir también el nombre de "Ojosa negra", "Overa" y "Chara Imilla Redonda Negra" entre otros y se asemejan por su morfología a los genotipos descritos anteriormente. Por otra parte, Ochoa (1990) en la descripción que realiza de la variedad "Chiar-imilla", la morfología de los tubérculos es similar al grupo de clones anteriormente mencionado. Según el mismo autor la variedad "Imilla", que significa "niña" en Aymará, es una de las más importantes por su distribución en Bolivia y Sur del Perú y presenta gran diversidad debido a la ocurrencia natural de híbridos, por lo que es difícil identificar todos los tipos presentes en la misma, que se caracterizan por los tubérculos de forma redonda y la piel con dos colores.

En los clones de la variedad "Azul", denominada también "Sallama", "Azulito", "Asta de Cabra", o "Luqui Morada" (Hawkes y Hjerting, 1969), se describen cuatro genotipos, los cuales se encuentran separados en diferentes cuadrantes (Fig. 7). Los dos genotipos (1 y 2), ubicados en el cuadrante superior derecho y el genotipo 3, que se encuentra en el cuadrante inferior izquierdo, representados cada uno por un clon, se caracterizan por tener tubérculos de forma redonda, a veces ovados, piel de color púrpura oscuro y ojos profundos. El genotipo 4, que se encuentra en el cuadrante inferior derecho, esta representado por un clon de la variedad "Azul" (CCS 1227 de Coctaca, del Dpto de Humahuaca) y un clon coleccionado como "Condorilla" (CCS 1201 de Varas, del dpto. de Humahuaca), y los dos presentan características morfológicas diferenciales respecto de los otros tres clones coleccionados como "Azul". En este genotipo el tubérculo es de forma oblonga, color de la piel púrpura, ojos y cejas amarillas.

En la variedad "Moradita", la cual se la puede encontrar con el nombre también de "Ojosa Negra" según Hawkes y Hjerting (1969), se detectaron

cuatro genotipos, que presentan características diferenciales del tubérculo y están representados por un clon. El genotipo 1 ubicado en el cuadrante inferior derecho (Fig. 7), que corresponde al clon CCS 1374 es similar al genotipo de la variedad "Azul" (ubicado en el mismo cuadrante) por sus características morfológicas exceptuando la forma del tubérculo que es obovada. El genotipo 2 que se encuentra en el mismo cuadrante, representado por el clon CCS 1307 de Cabrería, del dpto. de Santa Catalina, se caracteriza por presentar tubérculos con haces vasculares púrpuras. Los otros dos genotipos se hallan en el cuadrante superior derecho, uno de ellos (3) corresponde al clon CCS 1172 procedente del dpto. de Tilcara y se caracteriza por tener tubérculos de forma redonda y piel rosada, mientras que el otro genotipo (4) representado por el clon CCS 1330 de Rachaite, del dpto de Cochinoca, es muy diferente, presentando tubérculos de forma de gancho, piel morada y carne amarilla. Hawkes y Hjerting (1969) al observar la variabilidad encontrada en la variedad "Morada", proponen la existencia de más de una variedad.

En el árbol de mínima distancia (Fig. 8), se observan agrupamientos de genotipos, algunos de ellos representados por clones coleccionados con diferentes nombres. Por otro lado se observan genotipos vinculados por líneas de mayor longitud que confirman la presencia de clones diferentes, como por ejemplo, el genotipo coleccionado como "Negra redonda" perteneciente al clon CI 820 de Santa Ana, del dpto. de Valle Grande y el genotipo encontrado en el clon CI 783 coleccionado como "Navecilla" proveniente de la misma localidad.

En la Fig. 9, se muestra la procedencia de los genotipos correspondientes a las variedades analizadas en este grupo, observándose la amplia distribución de la mayoría de las variedades, como es el caso de la variedad "Moradita". Por el contrario la variedad "Azul o Sallama" se encuentra restringida a los dptos. de Humahuaca y Valle Grande.

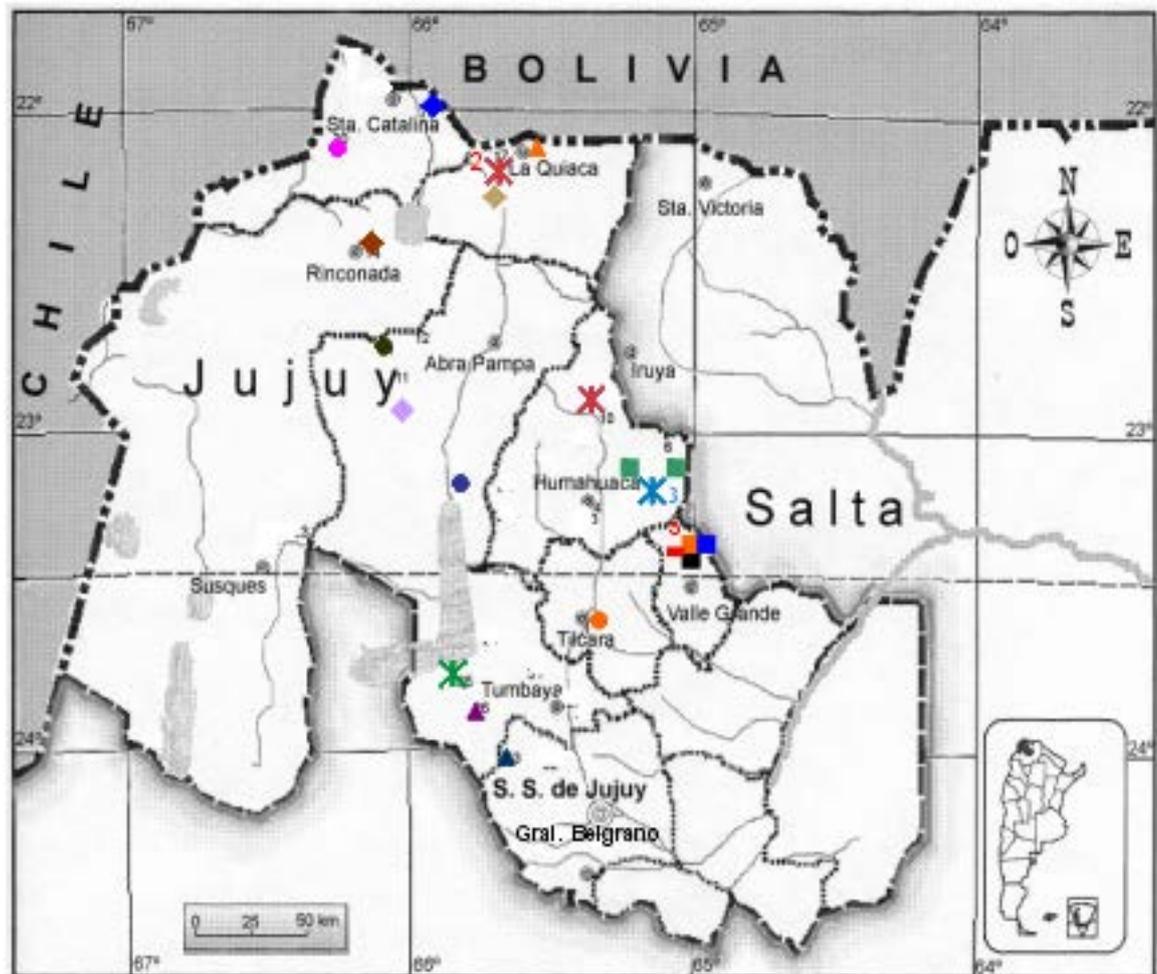


Fig. 9. Distribución geográfica de los genotipos pertenecientes a las siguientes variedades: ■ "Azul o Sallama" ● "Moradita" ◆ "Imilla" ◆ "Ojosa" × "Negra redonda" ½ "Navecilla" ✱ "Overa" .

1.2.3. Grupo III

Este grupo estuvo conformado por 39 clones, que fueron coleccionados con diferentes nombres: "Ojos Colorados" (cuatro clones), "Rosada" (nueve clones), "Colorada" (cinco clones), "Colorada boliviana" (un clon), "Colorana" (un clon), "Pera" o "Señorita" (un clon), "Cuarentona" (cinco clones), "Cuarentona colorada" (tres clones), "Cuarentona morada" (un clon), "Cuarentilla" (tres clones), "Tonca" (un clon), "Chaqueña" (dos clones), "Airampía" (dos clones), "Santa María" (un clon). También se incluyeron dos clones, CCS 1176 y CCS 1371, coleccionados con el nombre de "Tuni" y "Chacarera" que presentaron patrones electroforéticos y características morfológicas coincidentes con las variedades de este grupo y cuatro clones coleccionados con los nombres de "Rosada", "Abajeña colorada" y "Desiree", presuntamente pertenecientes a *S. tuberosum* ssp. *tuberosum*. Un clon de la variedad "Desiree" perteneciente a la ssp. *tuberosum* de la colección de variedades del PROPAPA, fue utilizado como testigo.

Al aplicar el análisis de coordenadas principales sobre la matriz de similitud en este grupo, se encontró que las tres primeras coordenadas explicaron un porcentaje de la variabilidad total igual a 25, 21 y 11 % respectivamente.

En la Fig. 10 se presenta el gráfico correspondiente a las coordenadas principales 1 y 2. El grado de ajuste estimado a través del coeficiente de correlación cofenético fue alto ($r=0,85$).

En la variedad "Ojos Colorados", los siete clones analizados, procedentes de tres departamentos no se diferencian (Fig. 10), lo cual indicaría la presencia de duplicados en la colección, debido probablemente al intercambio de la semilla entre los productores. Esta variedad también ha sido coleccionada con los nombres de "Pera", "Señorita", "Colorada" y "Colorana", los cuales serían sinónimos, de acuerdo a estos resultados.

La variedad "Rosada", de acuerdo a los resultados obtenidos en función de los cuatro microsatélites analizados, presentó seis genotipos, algunos de los cuales estuvieron representados por más de un clon. El genotipo 1 ubicado en el cuadrante inferior derecho en el análisis de coordenadas principales (Fig. 10)

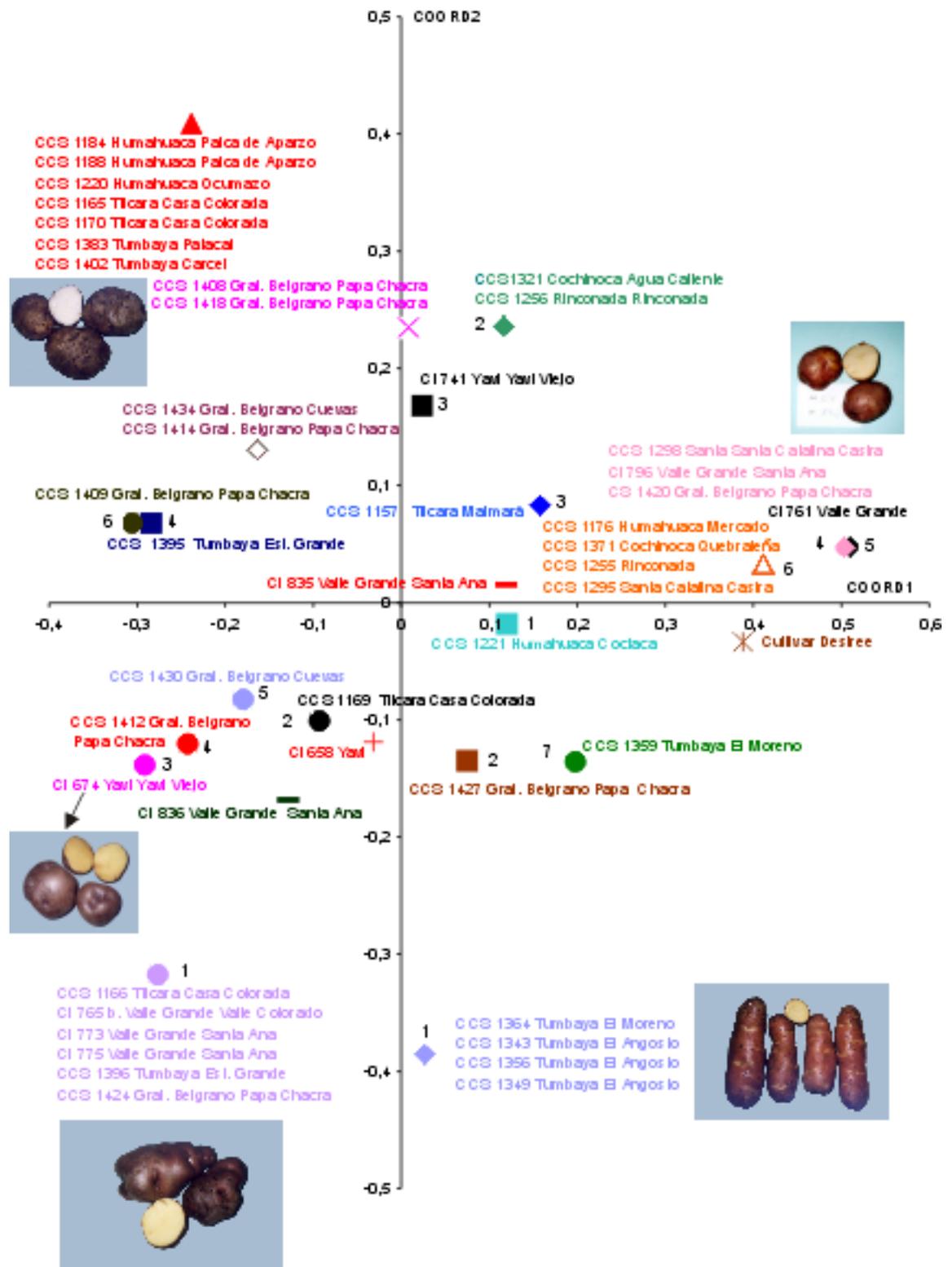


Fig. 10. Análisis de coordenadas principales correspondiente al grupo III.

Representación de las variedades sobre las dos primeras coordenadas.

■ "Colorada" ● "Cuarentona" ○ "Ojos colorados" ◆ "Rosada" △ "Rosada Tbr"
 ⬢ "Chaqueña" ⊕ "Airampía" ⊕ "Santa María" ✱ Desiree.

fue encontrado en cuatro clones pertenecientes al departamento de Tumbaya, lo que permitiría suponer que se ha difundido un único genotipo en los sitios muestreados. Este genotipo se caracteriza por presentar tubérculos de forma oblonga, con un color de la piel roja y amarilla en las cejas y alrededor de los ojos, color de la carne amarilla y presencia de ojos superficiales. El clon CCS 1349, de la localidad de El Angosto, si bien fue coleccionado con el nombre "Colorada", presentó el mismo genotipo y características morfológicas que los clones coleccionados con el nombre de "Rosada" en el mismo sitio.

El genotipo 2, ubicado en el cuadrante superior derecho, está representado por el clon CCS 1321 del dpto. de Cochinocha de la localidad de Agua Caliente y por el clon CCS 1256 coleccionado en el dpto. de Rinconada, procedente de Bolivia. Este genotipo se diferencia del anterior por presentar tubérculos de forma redonda, ligeramente achatados en el ápice y base, color de la piel rosada a púrpura, carne color crema y ojos profundos. El otro genotipo (3) de la variedad "Rosada" ubicado en el mismo cuadrante, representado por el clon CCS 1157 del dpto. de Tilcara, probablemente pertenezca a la especie *S. tuberosum* ssp. *tuberosum*, debido las características del tubérculo y a que se cultiva a menor altura.

También en el cuadrante superior derecho, se encuentran dos genotipos muy próximos entre sí (Fig. 10), uno de ellos (4) presente en tres clones, que se coleccionaron con diferentes nombres. El clon CCS 1298 fue coleccionado con el nombre "Desiree", el clon CCS 796 con el nombre de "Abajeña Colorada" y el clon CS 1420 con el nombre de "Rosada". Este genotipo presenta tubérculos con ojos superficiales, color de la piel rosada y carne amarilla. El otro genotipo (5) representado por el clon CI 761, procedente del dpto. de Valle Grande, fue coleccionado bajo el nombre de "Rosada" y los tubérculos poseen características similares a las descritas anteriormente.

En el mismo cuadrante se encuentra el genotipo 6, presente en cuatro clones provenientes de diferentes departamentos. El clon CCS 1176 del dpto. de Humahuaca fue coleccionado en el mercado con el nombre de "Tuni" y el clon CCS 1371 del dpto. de Cochinocha con el nombre de "Chacarera", si bien por el nombre estos clones deberían ubicarse en otro grupo, dada la

concordancia de las características morfológicas del tubérculo con los patrones electroforéticos obtenidos mediante SSRs con el material denominado "Rosada", se incluyeron en este grupo. Por otra parte, el clon CCS 1255 y el clon 1295 fueron obtenidos bajo el nombre de "Rosada" pero en los datos de colección aparece dudosa su identidad debido a la semejanza fenotípica de los tubérculos con el material de la ssp. *tuberosum*. Las características morfológicas de los tubérculos de estos cuatro clones son similares a las descritas para el clon CCS 1298.

En el árbol de mínima distancia (Fig. 11), el genotipo 4 presente en un clon denominado "Desiree" por los agricultores, se encuentra relacionado con los genotipos del material denominado "Rosada" (5 y 6), pero es diferente al genotipo de la variedad "Desiree" utilizada como testigo y que proviene de colección de variedades del PROPAPA. Por otra parte, la misma figura, se observa que algunos genotipos de la variedad "Rosada" están estrechamente relacionados mientras que otros no lo están, indicando probablemente la presencia de más de una variedad. De acuerdo a lo mencionado anteriormente, se puede concluir que con el nombre "Rosada" se denominan clones fenotípicamente diferentes.

La variedad "Colorada" presentó cuatro genotipos ubicados en diferentes cuadrantes (Fig 10). Dos genotipos se ubicaron en el cuadrante inferior derecho, uno de ellos (1) representado por el clon CCS 1221 del dpto. de Humahuaca, que se caracteriza por presentar tubérculos de forma redonda, color de la piel roja, carne crema a blanca y ojos profundos. El otro genotipo (2) representado por el clon CCS 1427 de Gral. Belgrano, se coleccionó con el nombre de "Colorada Boliviana" y se diferencia morfológicamente por presentar tubérculos con ojos medios con mayor densidad en la zona apical. Otro genotipo de la variedad "Colorada"(3) se ubica el cuadrante superior derecho, representado por el clon CI 741 del dpto. de Yavi caracterizado por presentar tubérculos con piel rosada a rojiza, ojos semiprofundos distribuidos con mayor densidad en la zona apical. El genotipo 4 ubicado en cuadrante superior izquierdo encontrado en el clon CCS 1395 del dpto. de Tumbaya se caracteriza por la forma redonda del tubérculo, piel rosada, carne amarilla y ojos profundos

En el árbol de mínima distancia (Fig. 11) se observa que el genotipo mencionado anteriormente no se encuentra relacionado con los otros genotipos coleccionados bajo el nombre "Colorada" y se une a uno de los genotipos de la variedad "Cuarentona". Cabe señalar que muchos productores plantan "Cuarentona" en los dptos. de Tumbaya y Gral. Belgrano. Por otro lado, los genotipos ubicados en el cuadrante inferior derecho están relacionados. El clon CCS 1427 (2) se une al clon CI 741 (3), aunque este análisis revela una notable diferencia entre los mismos.

En la variedad "Cuarentona" se encontraron siete genotipos, la mayoría ubicados en el cuadrante inferior izquierdo en el análisis de coordenadas principales (Fig. 10). El genotipo 1 representado por seis clones, coleccionados con los nombres de "Cuarentona colorada", "Cuarentilla Colorada o Tonca" y provenientes de departamentos limítrofes (Fig. 12), se caracterizan por los tubérculos de forma redonda, color de la piel roja, carne amarilla y ojos profundos con mayor densidad en la zona apical. Los otros seis genotipos de esta variedad están representados cada uno de ellos por un clon. El genotipo 2, representado por el clon CCS 1169 del dpto. de Tilcara presenta características similares del tubérculo al genotipo descrito anteriormente. Los clones CI 674, CCS 1412, CCS 1430 y CCS 1409 (genotipos 3, 4, 5, y 6) son similares por la forma redonda del tubérculo, el color de la piel pardo rojiza y la carne amarilla. Mientras que el clon CCS 1359 (genotipo 7), si bien fue coleccionado con el nombre de "Cuarentona", presenta características diferenciales respecto al material denominado de igual forma, presentando tubérculos de piel amarilla y púrpura.

En el árbol de mínima distancia (Fig. 11), se observa que los cuatro genotipos que se ubican en el cuadrante inferior izquierdo están relacionados y uno de ellos, el genotipo 5, se une al genotipo 6 de la misma variedad ubicado en el cuadrante superior izquierdo, mientras que dos genotipos (2 y 7) representados por clones coleccionados bajo el nombre "Cuarentona" (CCS 1169 y CCS 1359) presentan mayor similitud con otras variedades.

Según la descripción de las variedades "Cuarentona" y "Cuarentona amarilla", realizada por Hawkes y Hjerting (1969); "Cuarentona amarilla" se

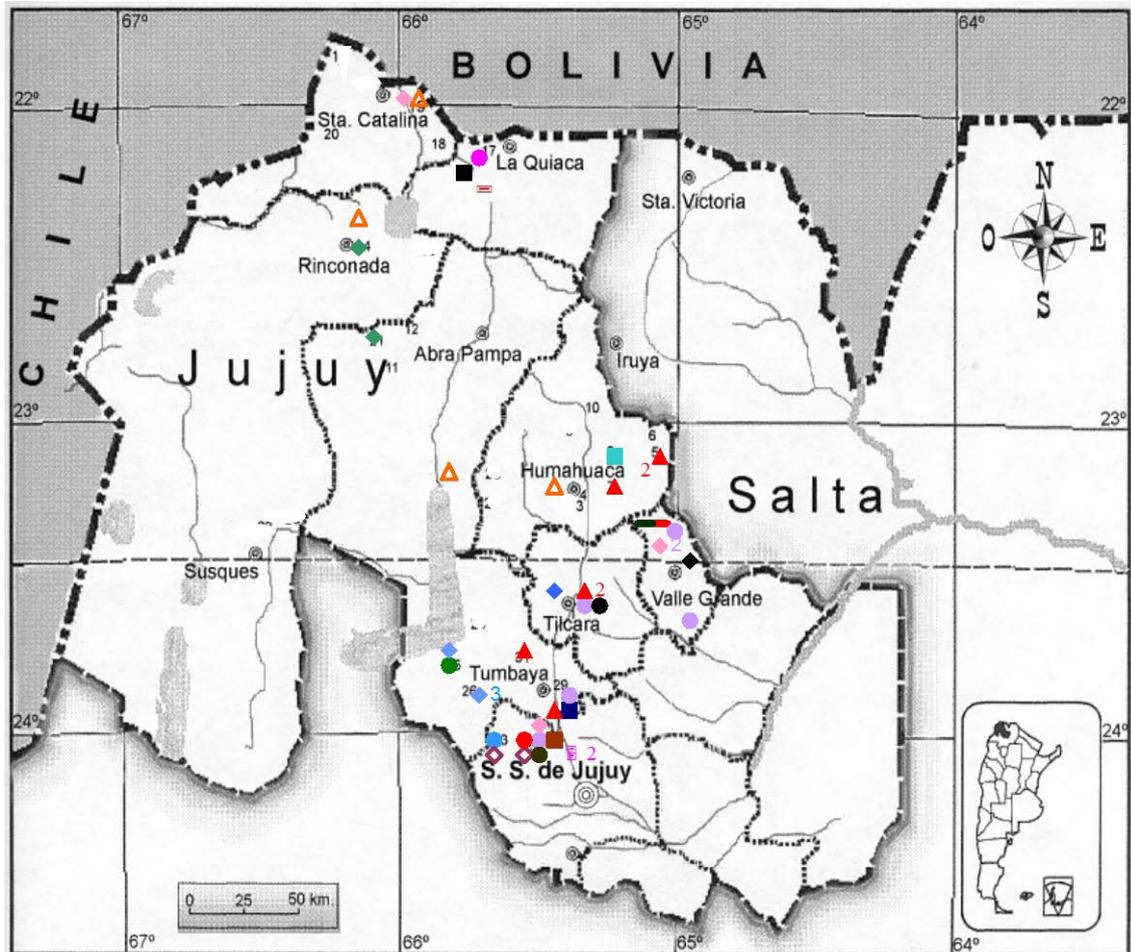


Fig. 12. Distribución geográfica de los genotipos pertenecientes a las siguientes variedades: ■ “Colorada” ● “Cuarentona” ○ “Ojos colorados” ◆ “Rosada” △ “Rosada Tbr” 5 “Chaqueña” | “Airampía” + “Santa María” .

asemeja al material coleccionado con los nombres de “Cuarentona colorada”, “Cuarentilla colorada o Tonca”.

Los dos clones analizados de la variedad “Airampía” provenientes del mismo sitio, mostraron patrones distintos para los microsatélites analizados, y consecuentemente los dos genotipos están ubicados en cuadrantes diferentes en el análisis de coordenadas principales (Fig. 10). Rovaretti (1992) observó, mediante un análisis electroforético de proteínas de tubérculos, patrones idénticos en los dos clones mencionados anteriormente; sin embargo de acuerdo a estos resultados los clones son diferentes.

La variedad “Chaqueña” se conoce y se encontró solo en un área del dpto. de General Belgrano y únicamente se dispone de dos clones provenientes del mismo sitio (Papachacra) (Fig. 12). Estos clones no se diferenciaron entre sí y se caracterizan por presentar tubérculos de forma oblonga algo comprimidos, con color de la carne blanca, piel rugosa y ojos semiprofundos. Según Hawkes y Hjerting (1969), papa “Chaqueña” es sinónimo de la variedad “Criolla Colorada” perteneciente a *S. tuberosum* ssp. *tuberosum* y si bien la citan en el dpto. de Humahuaca no se la encontró en el mismo. Por otra parte, en la Fig. 12 esta variedad se relaciona con una variedad perteneciente a adg “Airampia”.

El clon CCS 1414, coleccionado con el nombre de “Cuarentona morada” y el clon CCS 1434, del cual el productor desconocía el nombre, presentan características morfológicas similares a la variedad denominada “Cuella”. Los clones analizados provienen de sitios cercanos entre sí pertenecientes al mismo departamento (Fig. 12) y no se diferenciaron (Fig. 10) y se caracterizan por tener tubérculos de forma redonda a achatada, color de la piel amarillo y rojizo en áreas bien definidas y ojos profundos.

El genotipo representado por el clon CI 658 del dpto. de Yavi, coleccionado con el nombre de “Santa María”, se ubica en el cuadrante inferior izquierdo (Fig. 10). Esta variedad está poco difundida ya que solo se dispone de una entrada y según Hawkes y Hjerting (1969) es fácil distinguirla por la forma de los tubérculos ahusada y curva, el color de la piel y de la carne rojo intenso.

Los resultados obtenidos a partir del análisis de SSRs son coincidentes con la variabilidad morfológica observada. Se han detectado diferentes genotipos dentro de cada variedad, los cuales en la mayoría de los casos, se ubican en diferentes cuadrantes en el análisis de coordenadas principales, revelando una considerable diversidad.

3.2.4 Grupo IV

Este grupo estuvo integrado por 40 clones de adg, un clon perteneciente a la especie *S. curtilobum*, un clon coleccionado con el nombre "holandesa", presuntamente perteneciente a *S. tuberosum* ssp. *tuberosum* y dos clones de *S. tuberosum* ssp. *tuberosum* correspondientes a las variedades Achirana y Calen de la colección de variedades del PROPAPA, que fueron utilizados como testigo.

Los clones de adg analizados en este grupo fueron coleccionados con los siguientes nombres: "Papa oca" (tres clones), "Chacarera" (siete clones), "Tuni" (ocho clones), "Tuni blanca" (cuatro clones), "Tuni rosada" (un clon), "Tuni morada" (dos clones), "Corazón morado" (un clon), "Blanca" (cinco clones), "Blanca alargada" (tres clones), "Blanca redonda" (cinco clones) y "Malgacha" (tres clones).

Al aplicar el análisis de coordenadas principales se encontró que los tres primeras coordenadas explicaron un porcentaje de la variabilidad total igual a 23, 16 y 14 % respectivamente.

En la Fig. 13 se presenta el gráfico correspondiente a las coordenadas principales 1 y 2. El grado de ajuste estimado a través del coeficiente de correlación cofenético fue alto ($r=0,74$).

Los tres clones analizados de "Papa Oca", no se diferenciaron entre sí (Fig. 13). Los mismos provienen de tres sitios diferentes, pertenecientes a los valles de Varas, Molloc y Palca de Aparzo, que se encuentran muy próximos entre sí en el dpto. de Humahuaca (Fig. 14). Estos clones se caracterizan por presentar tubérculos de forma ovada a oblonga, ojos superficiales distribuidos en forma regular y color de la carne amarilla.

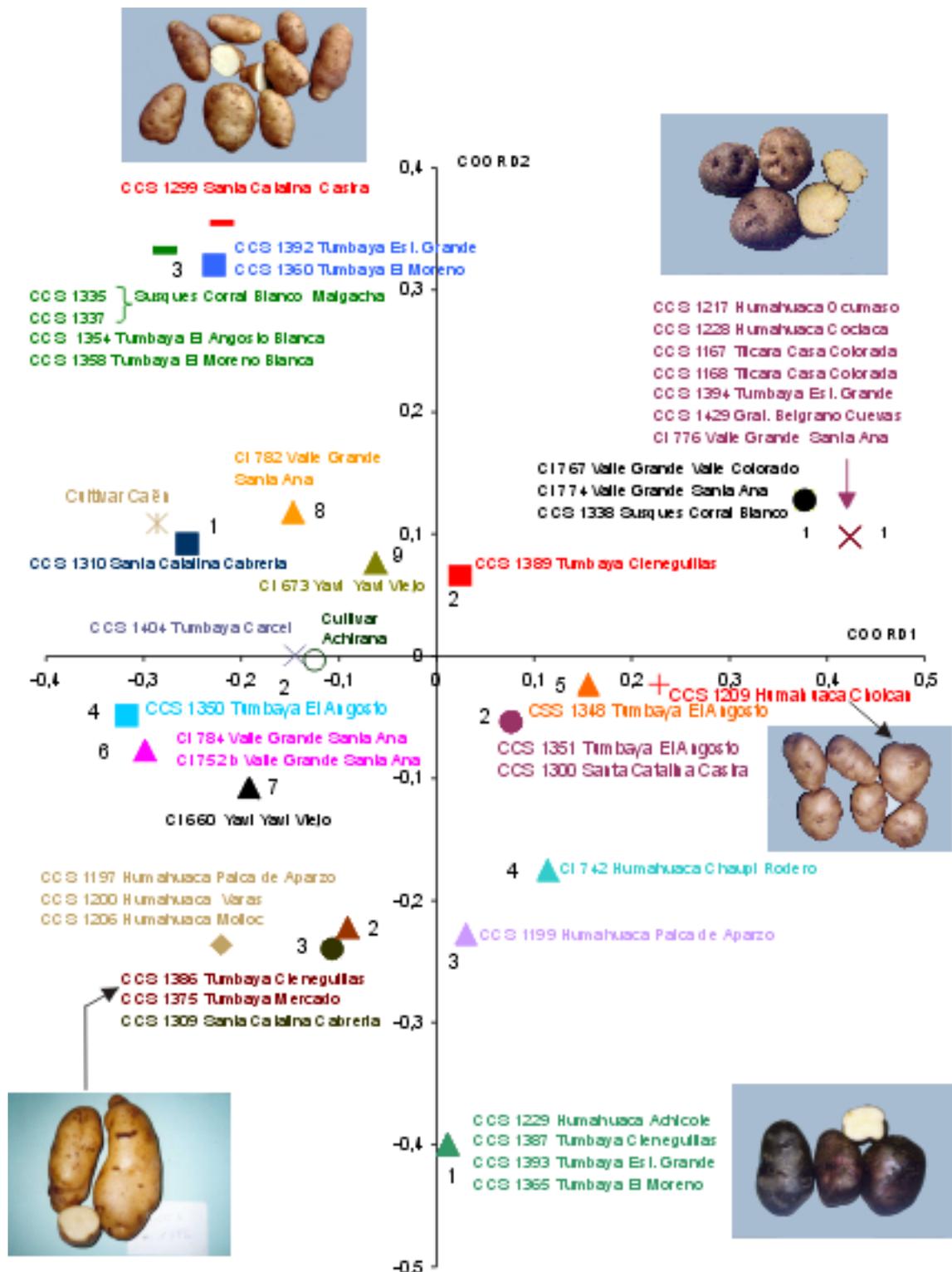


Fig. 13. Análisis de coordenadas principales correspondiente al grupo IV. Representación de las variedades sobre las dos coordenadas principales. ■ "Blanca" ● "Blanca redonda s "Tuni" ◆ "Papa oca" 5 "Chacarera" ½ "Malgacha" + "Papa luqui" ✖ Calén ○ Achirana

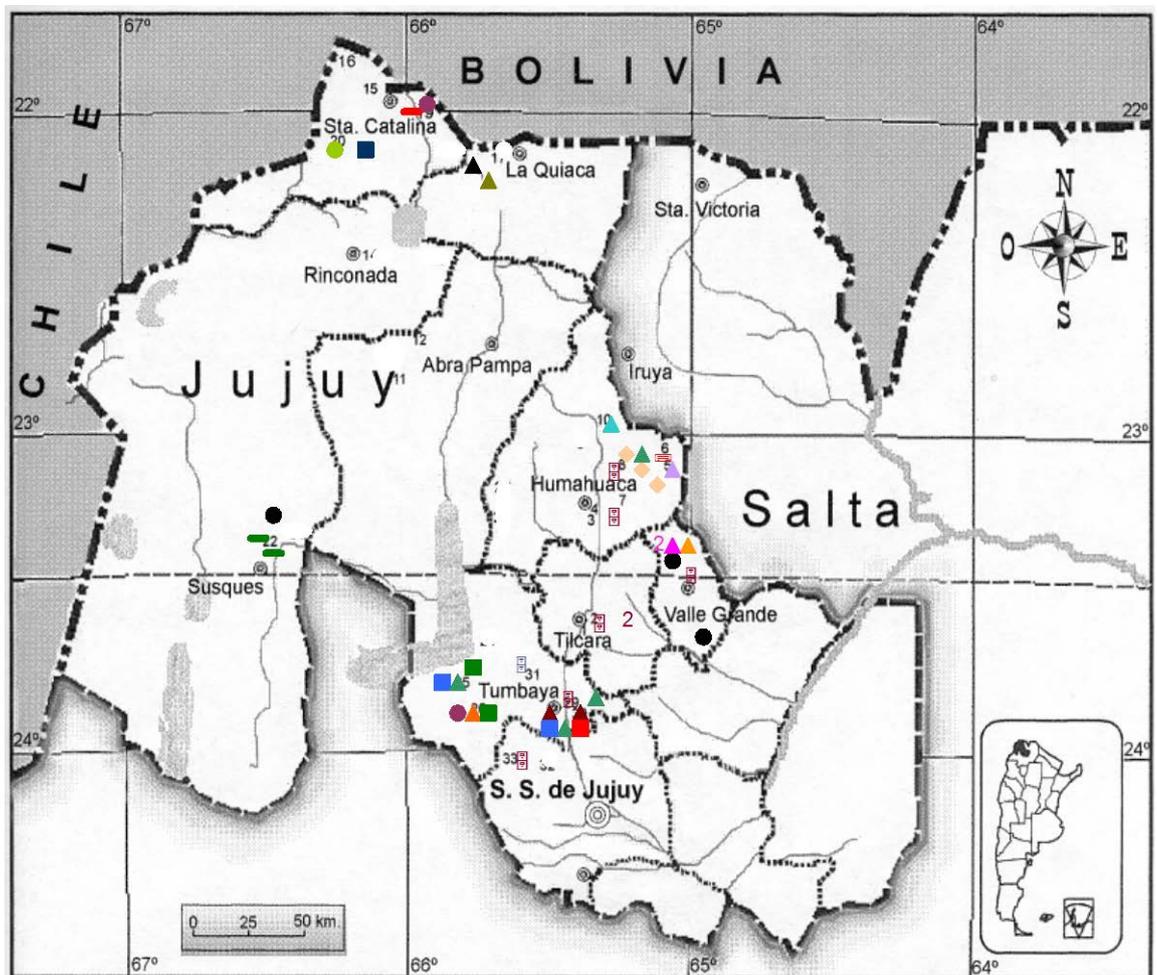


Fig. 14. Distribución geográfica de los genotipos pertenecientes a las siguientes variedades: ■ "Blanca" ● "Blanca redonda" σ "Tuni" ◆ "Papa oca" 5 "Chacarera" | "Malgacha" + "Papa luqui".

La variedad "Chacarera" presentó dos genotipos (Fig. 13), uno de ellos (1) fue encontrado en siete clones provenientes de cinco departamentos (Fig. 14). El clon CI 776 de la localidad de Santa Ana del dpto. Valle Grande, se

coleccionó con el nombre de "Corazón morado", sin embargo presentó el mismo genotipo y similares características morfológicas que los clones coleccionados con el nombre de "Chacarera", los cuales se caracterizan por tener tubérculos de forma redonda a ovada, piel amarilla y rugosa, carne amarilla, ojos profundos distribuidos mayormente en el área apical. Sólo el clon CCS 1429 presenta el haz vascular púrpura a igual que el clon coleccionado con el nombre de "Corazón morado". De Jong (1987) en un estudio genético realizado en especies de papas cultivadas diploides, encontró que la distribución de antocianinas en la carne del tubérculo está gobernada por un alelo en estado dominante *Pf*, el cual para su expresión necesita la presencia del gen *I* que controla la distribución del pigmento en la piel del tubérculo. Según el mismo autor el grado de pigmentación en la carne del tubérculo es variable entre genotipos y se puede considerar como un producto de una secuencia de eventos en los cuales los genes para la producción de pigmentos púrpura y rojo (*P* y/o *R*) y distribución (*I*) juegan un rol esencial. Los factores que afectan uno o más pasos en dicha secuencia pueden influir en la intensidad así como en el patrón de pigmentación de la carne del tubérculo. En las especies cultivadas tetraploides, el control genético de la distribución de pigmentos es similar al nivel diploide (De Jong, 1991), aunque es el gen *D* a diferencia del gen *I* en las especies diploides, el que controla el desarrollo de la pigmentación en varias partes de la planta.

El otro genotipo (2) de la variedad "Chacarera" está representado por el clon CCS 1404 de Carcel del dpto. de Tumbaya y se diferencia morfológicamente de los otros siete clones por presentar tubérculos de carne blanca y piel del tubérculo lisa.

La variedad "Blanca" presenta dos morfotipos, "Blanca redonda" y "Blanca alargada". De acuerdo a los resultados de los cuatro SSRs analizados, en la variedad "Blanca redonda" se detectaron tres genotipos ubicados en diferentes cuadrantes en el análisis de coordenadas principales (Fig. 13). El genotipo 1 que se encuentra en el cuadrante superior derecho esta representado por tres clones, provenientes de los dptos. de Valle Grande y Susques, sitios que se encuentran muy distantes entre sí (Fig. 14). Estos tres

clones poseen similares características morfológicas de los tubérculos, en cuanto a la forma y a la presencia de haz vascular púrpura, con el clon CCS 1429 coleccionado como "Chacarera". En el árbol de mínima distancia (Fig. 15), se observa también que estos dos genotipos están relacionados.

El otro genotipo (2) de la variedad "Blanca redonda", ubicado en el cuadrante inferior derecho (Fig. 13), se encontró en dos clones provenientes de departamentos muy distantes entre sí (Fig. 14). El clon CCS 1300, proveniente de Casira del dpto. de Santa Catalina coleccionado con el nombre "Holandesa" y el clon CCS 1351 de la localidad El Angosto del dpto. de Tumbaya, denominado "Blanca redonda", presenta tubérculos de forma redonda, piel amarilla y lisa, color de la carne crema, ojos profundos, y de acuerdo a estas características, son similares a la variedad "Chacarera". En el árbol de mínima distancia (Fig. 15), sí bien los dos genotipos de la variedad "Blanca redonda" están distanciados, los mismos se unen corroborando la relación entre ellos. El clon CCS 1309 del dpto. de Santa Catalina, que también fue coleccionado con el nombre "Blanca redonda", presentó otro genotipo (3) que se ubica en el cuadrante inferior izquierdo y se caracteriza por tener tubérculos de forma redonda a ovada, piel lisa y de color amarilla, color de la carne amarilla, pocos ojos y semisuperficiales. Por las características mencionadas anteriormente se asemeja a la variedad "Tuni", sin embargo en el análisis de MST (Fig. 15), este genotipo no se relaciona con esta variedad.

La variedad "Blanca alargada" presentó tres genotipos. Dos de los genotipos, uno (1) representado por el clon CCS 1310 y el otro (2) por el clon CCS 1389 aparecen distanciados entre sí, ubicados en diferentes cuadrantes (Fig. 13). El clon CCS 1310 del dpto. de Santa Catalina, tiene tubérculos de forma obovada alargada, color de la piel y carne amarilla, ojos superficiales distribuidos en forma regular, mientras que el clon CCS 1389 del dpto. de Tumbaya, se diferencia por tener tubérculos de forma ovada elíptica. El tercer genotipo ubicado en el cuadrante superior izquierdo, esta representado por el

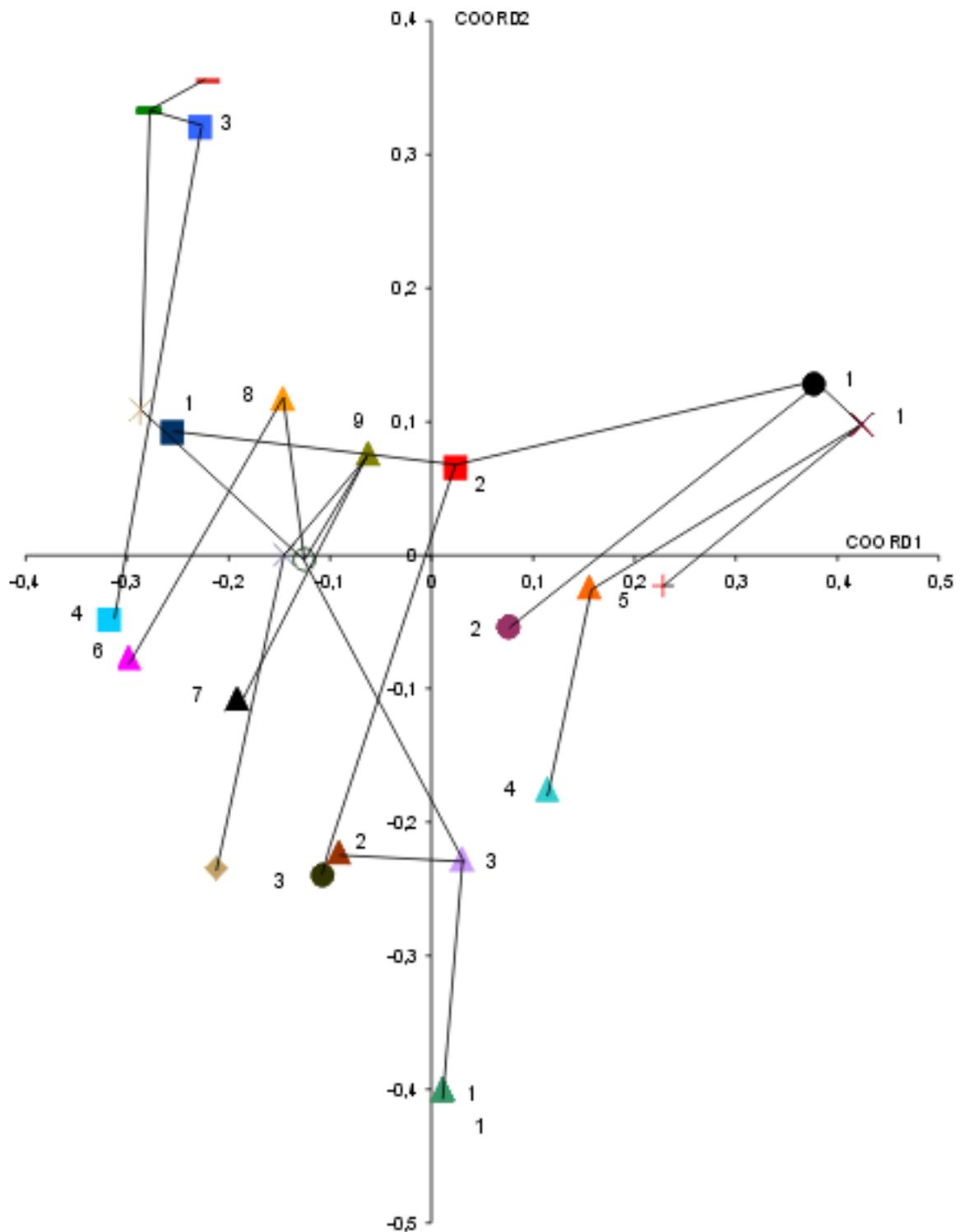


Fig. 15. Arbol de mínima distancia (MST) obtenido a partir de la matriz de similaridad sobre la configuración ACoordP para el grupo IV.
 ■ "Blanca" ● "Blanca redonda" ▲ "Tuni" ◆ "Papa oca" 5 "Chacarera" + "Papa luqui"
 ✖ Calén ○ Achirana ¼ "Malgacha".

clon CCS 1392 coleccionado con el nombre de "Blanca alargada" y por el clon CCS 1360 coleccionado como "Blanca". Estos clones provienen de diferentes sitios dentro del mismo departamento (Tumbaya) (Fig. 14), y los dos presentan tubérculos de forma oblonga, piel amarilla, carne crema y ojos superficiales distribuidos en forma regular en el tubérculo. Por otra parte este genotipo se ubica cercano y está relacionado con los genotipos pertenecientes al material coleccionado con el nombre de "Malgacha" (Fig. 13 y 15). Otro genotipo (4) de la variedad "Blanca" representado por el clon CCS 1350, que según el productor se asemeja a la variedad "Blanca alargada", de acuerdo al MST, se relaciona con el genotipo descrito anteriormente y presenta también tubérculos de piel lisa y de color amarilla aunque la forma de los mismos es diferente.

La variedad "Malgacha" ha sido coleccionada sólo en los departamentos de Santa Catalina y Susques. Los dos clones provenientes del mismo sitio del dpto. de Susques, presentaron el mismo genotipo que los dos clones coleccionados con el nombre de la variedad "Blanca", coleccionados en el dpto. de Tumbaya (Fig. 13 y 14). Los dos clones de la variedad "Malgacha" presentan similares características del tubérculo, forma oblonga, color de la piel amarilla, color de la carne crema amarillento y ojos superficiales. Los otros dos clones denominados "Blanca", si bien presentaron el mismo genotipo, se diferencian por tener ojos de los tubérculos profundos a semiprofundos. El otro clon de la variedad "Malgacha", coleccionado en el dpto. de Santa Catalina, presenta las mismas características morfológicas que los dos clones descritos anteriormente coleccionados con el mismo nombre, pero genéticamente es diferente. Los dos genotipos de la variedad "Malgacha" se encuentran próximos y se relacionan con el genotipo presente en dos clones coleccionados con el nombre "Blanca". Posiblemente estos tres genotipos pertenezcan a una única variedad que ha recibido diferente denominación de acuerdo al sitio. Hawkes y Hjerting (1969) describen la variedad "Astilla", y citan como nombres, sinónimos de la misma, "Malgacha", "Malcachi" y "Blanca" y por las características del tubérculo mencionadas esta variedad es similar a los clones coleccionados en este trabajo con el nombre de "Malgacha".

La variedad "Tuni" presentó nueve genotipos, dispersos en tres cuadrantes del análisis de coordenadas principales, algunos de ellos coincidentes con los diferentes morfotipos coleccionados. Hawkes y Hjerting (1969) describieron dos formas de esta variedad, "Tuni Chata Blanca" y "Tuni Morada Chata".

El genotipo 1 ubicado en el cuadrante inferior derecho (Fig. 13) corresponde al morfotipo coleccionado como "Tuni morada" y fue encontrado en cuatro clones pertenecientes a los departamentos de Humahuaca y Tumbaya, que se caracterizan por la forma achatada y oblonga del tubérculo, color de la piel púrpura, carne color crema, pocos ojos superficiales y distribuidos en forma regular. El genotipo 2 representado por el clon CCS 1386 y CCS 1375 del dpto. de Tumbaya ubicado en el cuadrante inferior izquierdo y el genotipo 3 presente en el clon CCS 1199 del dpto. de Humahuaca, ubicado en el cuadrante inferior derecho, corresponden al morfotipo "Tuni blanca". El clon CCS 1386 y CCS 1375 se caracterizan por tener tubérculos de forma ovada oblonga achatada, piel lisa de color amarilla, color de la carne blanca, pocos ojos y semiprofundos. El clon CCS 1199, se diferencia morfológicamente de los anteriores por el color de la piel blanco amarillento y ojos superficiales. Los otros dos genotipos (4 y 5) ubicados también en el cuadrante inferior derecho representado por el clon CI 742 y CSS 1348 respectivamente están relacionados según el árbol de mínima distancia (Fig. 15) y forman un grupo separado del material denominado "Tuni".

El genotipo 6 ubicado en el cuadrante inferior izquierdo está representado por el clon CI 784 coleccionado con el nombre "Tuni Blanca", y el clon CI 752b coleccionado con el nombre de "Blanca". Los dos clones proceden del mismo sitio y de acuerdo a los resultados obtenidos con los cuatro SSRs serían idénticos. El otro genotipo de la variedad "Tuni" (7), ubicado en el mismo cuadrante, fue encontrado en el clon CI 660 del dpto. de Yavi, el cual tiene tubérculos chatos, color de la piel amarilla, carne color crema y ojos medios distribuidos regularmente.

El genotipo 8 ubicado en el cuadrante superior izquierdo representado por el clon CI 782 fue coleccionado como "Tuni rosada" y se caracteriza por el

color del tubérculo amarillo y púrpura distribuido irregularmente, piel lisa, color de la carne amarilla y ojos superficiales distribuidos regularmente. El otro genotipo (9) ubicado en el mismo cuadrante, presente en el clon CI 673 tiene tubérculos de color de la piel púrpura oscuro y color de la carne crema. Los clones CI 782, CI 673 y CI 742 mostraron patrones electroforéticos diferentes en este trabajo, coincidentes con los resultados obtenidos por Rovaretti (1992) mediante electroforesis de proteínas.

De acuerdo a los resultados de este estudio se observa variabilidad en el material coleccionado con el nombre de "Tuni", evidenciado por la formación de tres grupos separados. Cabe destacar que los agricultores locales denominan "Tuni" a todo el material que presenta tubérculos de forma chata o aplanada de los tubérculos.

El genotipo de la especie *S. curtilobum*, denominada por los agricultores como "Papa Luqui", se ubico en el cuadrante inferior derecho en el análisis de coordenadas principales (Fig. 13) y se caracteriza por la forma ovada achatada de los tubérculos, color de la piel amarilla, lisa, carne blanca y ojos protuberantes.

2. Análisis de la varianza molecular

En este análisis se incluyeron 154 clones, considerando también los cuatro clones que pertenecerían a *S. tuberosum* ssp. *tuberosum*, denominados por el productor como "Abajeña colorada", "Desire" y "Rosada" y el clon denominado "Holandesa" que no difirió del clon denominado "Blanca redonda". En la Tabla 5, se detalla el número de clones analizados para cada variedad y por departamento; los clones dentro de cada departamento provienen de diferentes sitios.

El análisis de la distribución de la diversidad genética entre y dentro de departamentos, muestra que el 96,57 % del total de la variación se encuentra dentro de departamentos (Tabla 6). Este resultado se debe a la presencia de clones con el mismo genotipo, provenientes de sitios que se encuentran

Tabla 5. Número de clones analizados por variedad y por departamento incluidos en el AMOVA.

	Tilcara	Humahuaca	Cochinoca	Rinconada	Santa Catalina	Yavi	Susques	Tumbaya	Valle Grande	Gral. Belgrano
<i>S. tuberosum</i> ssp. <i>andigenum</i>										
"Airampía"									2	
"Azul o Sallama"		1							3	
"Blanca"								4	1	
"Blanca alargada"					1			2		
"Blanca redonda"					2		1	1	2	
"Colorada"		1				1		2		1
"Collareja"	3	10	1		1		1	4	2	
"Collareja redonda"		1	7					1		1
"Condorilla"		1								
"Cuarentona"	2					1		3	4	5
"Chacarera"	2	2	1					2	1	1
"Chaqueña"										2
"Imilla"						1				
"Malgacha"					1		2			
"Moradita"	1		2		1					
"Navecilla"									1	
"Negra redonda"									1	
"Ojosa"				1	1	1				
"Ojos colorados"	2	3						2		
"Overa"		4				2		1		
"Papa Oca"		3								
"Rosada"	1		1	1				3	1	2
"Runa"		4		1	1			2		
Santa María"						1				
"Tuni"		2				2		4		
"Tuni blanca"		1	1					1	1	
"Tuni morada"		1						3		
"Tuni rosada"			1						1	
<i>S. tuberosum</i> ssp. <i>tuberosum</i>										
"Abajeña colorada"									1	
"Desiree"					1					
"Rosada"				1	1					
"Holandesa"					1					
TOTAL	11	34	14	4	10	9	4	35	21	12

Tabla 6. Resultados del AMOVA basado sobre los datos de los cuatro SSRs analizados.

Fuente de Variación.	Grados de Libertad	Suma de Cuadrados	Componente de la Varianza	%Total
Entre dptos.	9	90,09	0,234	3,43 ($p < 0,001$)
Dentro de dptos.	144	948,70	6,58	96,57 ($p < 0,001$)
Total	153	1038,79	6,82	

El valor de p fue obtenido a partir de las 1023 permutaciones e indica la probabilidad de encontrar un valor al azar mayor al observado.

distantes entre sí de diferentes departamentos e inclusive aislados geográficamente por laderas montañosas. En toda esta región, se produce un intenso intercambio de tubérculo-semilla entre productores o a través de los mercados y ferias a los que acceden los mismos desde diferentes localidades. Por otro lado el 3,43 % de la diversidad se distribuye entre departamentos y esto se evidencia en algunas variedades como por ejemplo "Ojosa", "Colorada", "Rosada" en donde los clones provenientes de distintos departamentos presentan diferentes genotipos. Estos resultados coinciden con los hallados por Zimmerer y Douches (1991) en un estudio de diversidad genética realizado en seis variedades de adg provenientes de Perú, utilizando nueve sistemas isoenzimáticos. Estos autores encontraron que el total de la diversidad genética se distribuyó dentro de regiones, indicando que el intercambio genético entre sitios es mayor que la presión de selección resultante del aislamiento geográfico y/o el ambiente.

CONSIDERACIONES GENERALES

La información obtenida mediante los cuatro SSRs analizados permitió detectar 73 genotipos sobre un total de 154 clones. En la tabla 7 se resume el número y frecuencia de genotipos encontrados en cada variedad. En la mayoría de las variedades analizadas se identificaron más de un genotipo. Por el contrario las variedades "Papa oca", "Ojos Colorados" y "Chaqueña" presentaron un solo genotipo mediante los SSRs analizados. Zimmerer y Douches (1991) identificaron 30 genotipos sobre un total de 139 clones en seis variedades de adg. Según los mismos autores el número de genotipos dentro de cada variedad probablemente tenga su origen en la recombinación sexual con el subsecuente cultivo de la semilla botánica más que por mutación. La semilla botánica puede provenir de autofertilización o de cruzamientos entre las variedades locales con especies silvestres diploides y tetraploides de papa. En el primer caso, el productor puede plantar otra especie que produzca tubérculos, por ejemplo oca, en la misma parcela, donde previamente fueron cultivadas variedades de adg. Esta práctica de rotación permite cosechar, junto a los tubérculos de oca, tubérculos de adg provenientes de semilla botánica que ha caído al suelo el año anterior; el tamaño de los tubérculos es menor por lo que generalmente no se destinan al consumo sino a que son utilizados como tubérculo-semilla, contribuyendo a introducir recombinantes sexuales dentro del acervo genético de las variedades de adg (Jackson *et al.*, 1980; Zimmerer y Douches, 1991).

La formación de híbridos entre especies silvestres y cultivadas de papa es un fenómeno que ha sido documentado en los centros de diversidad del cultivo (Ugent 1970; Astely y Hawkes, 1979; Johns y Keen, 1986) y puede ocurrir como consecuencia del funcionamiento de gametos $2n$, en las especies silvestres diploides (Camadro, 1986). En los cultivos de papa, en la provincia de Jujuy, se encontraron frecuentemente especies silvestres diploides y tetraploides de papa tales como *S. infundibuliforme*, *S. megistracrolobum*, *S. acaule* y *S. gourlayi* creciendo como malezas en varias parcelas donde se coleccionaron variedades locales (Clausen *et al.*, 2003).

Tabla 7. Número, frecuencia de genotipos por variedad y características morfológicas de los tubérculos.

Variedad	Número de genotipos	Número de clones por genotipo	Característica morfológicas de los tuberculos
“Airampía”	2	1 1	Tubérculos oblongos a ovados. Piel roja con algunas áreas pardas irregulares. Carne amarilla. Ojos medios, distribuidos regularmente.
“Azul o Sallama” [“Condorilla”]	4	2 1 1 1	1) Tubérculos oblongos. Piel púrpura, ojos y cejas amarillas. 2) Tubérculos redondos. Piel púrpura oscuro. Carne crema. Ojos profundos.
“Blanca”	1	1	Tubérculos elípticos a oblongos. Piel amarilla. Carne crema. Ojos profundos
“Blanca alargada”	2	1 1	Tubérculos obovados alargados, ovados elípticos. Piel y carne amarilla. Ojos superficiales.
“Blanca redonda” [“Holandesa”]	3	3 2 1	1) Tubérculos redondos. Piel amarilla, a veces con áreas púrpuras irregulares. Carne crema amarilla, anillo vascular púrpura. Ojos profundos. 2) Tubérculos de forma redonda. Piel amarilla y lisa. Color de la carne crema. Ojos profundos. 3) Tubérculos de forma redonda a ovada. Piel lisa y de color amarilla. Color de la carne amarilla. Pocos ojos y semisuperficiales.
			1) Tubérculos redondos. Piel

"Colorada"	4	1 1 1 1	<p>roja. Carne crema a blanca. Ojos profundos.</p> <p>2) Ojos medios con mayor densidad en la zona apical.</p> <p>3) Color de la piel rosada a rojiza. Ojos semiprofundos con mayor densidad en la zona apical.</p> <p>4) Piel rosada. Carne amarilla. Ojos profundos.</p>
"Collareja" ["Collareja redonda", "Churqueña negra", "Yaguana"]	5	17 11 5 1 1	<p>1) Tubérculos ovados. Piel amarilla y púrpura principalmente en la zona apical. Carne crema. Ojos medios con una distribución predominante en la zona apical.</p> <p>2) Tubérculos redondos.</p> <p>3) Distribución regular de los ojos en el tubérculo.</p> <p>4) Tubérculos ovados oblongos. Color de la piel parda y púrpura alrededor de los ojos. Color de la carne blanca. Ojos profundos.</p> <p>5) Color de la carne crema.</p>
"Cuarentona" ["Cuarentona colorada", "Cuarentilla", "Tonca"]	7	6 1 1 1 1 1 1	<p>1) Tubérculos de forma redonda. Piel roja. Carne amarilla. Ojos profundos con mayor densidad en la zona apical.</p> <p>2) Color de la piel pardo rojiza</p> <p>3) Tubérculos de piel amarilla y púrpura.</p>
"Cuella" ["Cuarentona morada" Rosada"]	1	2	<p>Tubérculos redondos, ligeramente aplanados. Color de la piel amarillo y rojizo en áreas bien definidas. Ojos profundos.</p>

"Chacarera"	2	7 1	1) Tubérculos redondos a ovados. Piel amarilla y rugosa. carne amarilla, a veces haz vascular púrpura. Ojos profundos mayormente en la zona apical. 2) Tubérculos de carne blanca y piel lisa.
"Chaqueña"	1	2	Tubérculos elípticos oblongos algo comprimidos. Color de la piel parda y casposa. Color de la carne blanca. Ojos semiprofundos de distribución regular.
"Imilla"	3	1 1 1	Tubérculos redondos. Piel púrpura con áreas amarillas distribuidas en forma irregular. Color de la carne crema, ojos profundos distribuidos en la zona apical.
"Malgacha" o "Blanca"	3	4 2 1	Tubérculos oblongos, piel amarilla. Carne crema amarillento. Ojos superficiales.
"Moradita"	4	1 1 1 1	1) Tubérculos obovados. Piel púrpura, ojos y cejas amarillas. 2) Tubérculos con haces vasculares púrpuras. 3) Tubérculos redondos. Piel rosada. Carne amarilla. 4) Tubérculos irregulares. Piel morada. Carne amarilla.
"Navecilla"	1	1	Tubérculos redondos. Piel amarilla y púrpura. Carne color crema. Ojos semiprofundos.
"Negra redonda"	1	1	Tubérculos redondos. Piel púrpura a negra. Carne crema Ojos muy profundos distribuidos apicalmente.

"Ojosa"	4	1 1 1 1	<p>1) Tubérculos redondos achatados antero posterior. Piel amarilla con color secundario púrpura en el ápice y alrededor de los ojos.</p> <p>2) Tubérculos redondos. Piel púrpura oscuro. Ojos profundos.</p>
"Ojos colorados"	1	7	<p>Tubérculos de forma elíptica a oblonga. Piel amarilla, con color secundario rojo alrededor de los ojos y en la zona apical. Carne crema. Ojos superficiales de distribución apical.</p>
"Overa" ["Condorilla"]	3	3 3 1	<p>1) Tubérculos redondos. Piel púrpura con un color secundario pardo amarillento. Carne crema. Ojos profundos.</p> <p>2) Color de la piel amarilla, con un color secundario púrpura distribuido en la base.</p> <p>3) Tubérculos ovados a oblongos. Piel amarilla con áreas púrpuras distribuidas al azar.</p>
"Papa Oca"	1	3	<p>Tubérculos de forma ovada a oblonga. Piel y carne amarilla. Ojos superficiales distribuidos en forma regular.</p>
"Rosada"	6	4 4 3 2 1 1	<p>1) Tubérculos de forma oblonga. Piel roja y amarilla en las cejas y alrededor de los ojos. Color de la carne amarilla. Ojos superficiales.</p> <p>2) Tubérculos redondos ligeramente aplanados en el ápice y base. Color de piel</p>

			rosada a púrpura. Carne crema. Ojos profundos. 3) Tubérculos redondos. Color de la piel rosada, carne amarilla. Ojos superficiales.
"Runa"	4	5 2 1 1	1) Tubérculos ovados. Piel pardo rojiza. Carne blanco crema. Ojos semisuperficiales distribuidos en forma regular. 2) Tubérculos ovados. Piel marrón con cejas de color púrpura. Ojos medios a superficiales con mayor distribución en la parte apical.
"Santa María"	1	1	Tubérculos fusiformes. Piel roja. Carne color rojo. Ojos medios de distribución regular.
"Tuni"	4	1 2 1 1	Tubérculos ovado oblongos aplanados. Piel amarilla. Carne crema. Ojos medios.
"Tuni blanca"	3	2 1 1	Tubérculos ovado oblongos aplanados. Piel blanco amarillenta. Carne blanca.
"Tuni morada"	1	4	Tubérculos ovado oblongos aplanados. Piel púrpura. Carne crema. Pocos ojos distribuidos superficialmente.
"Tuni rosada"	1	1	Tubérculos ovado oblongos aplanados. Piel amarillo con áreas púrpuras distribuido irregularmente. Carne amarilla. Ojos superficiales.

Las variedades se distinguen entre sí principalmente por las características morfológicas del tubérculo. También se pueden diferenciar por otros caracteres, tal como el color de la flor y tallo, aunque es raro que el productor los utilice para identificar variedades (Hawkes, 1947; Brush *et al.*, 1980). Dentro de cada variedad hay variantes morfológicas relacionadas a características secundarias del tubérculo tal como en el caso de "Tuni rosada y "Tuni blanca" que poseen características morfológicas del tubérculo similares, pero difieren en el color de la piel, las cuales en muchos casos, estuvieron asociadas a diferentes genotipos. Las variantes morfológicas mencionadas, dentro de variedades, han sido tratadas por Brush *et al.* (1980) como subvariedad, mientras que Ochoa (1990), describe formas dentro de variedad, como por ejemplo: Runa f. azul runa y Runa f. abajeña. Según Spooner *et al.* (2003) la categoría botánica *forma* ha sido usada extensivamente para describir variantes mínimas dentro de plantas cultivadas, aunque los mismos autores mencionan que estas formas deberían ser reclasificadas como cultivares. Sin embargo una variedad local no podría ser incluida dentro del término cultivar, ya que las variedades son seleccionadas por los agricultores y el cultivo de una misma variedad bajo diferentes circunstancias y productores puede resultar en una apariencia diferente de la misma. Si bien son distintas, no son uniformes y estables y esto las diferencia de un cultivar (Zeven, 1998).

En relación a la denominación de las variedades, en este trabajo se encontraron clones coleccionados con el mismo nombre pero los mismos presentan diferentes fenotipos. Esto se mostró en la variedades "Moradita", "Azul o Sallama", "Rosada", las cuales son denominadas por los productores por el color de la piel, aunque los clones analizados de las mismas mostraron genotipos diferentes coincidentes con las características morfológicas diferenciales entre ellos. De esta manera se encontrarían posiblemente más variedades que las asociadas con el nombre. Quiros *et al.* (1990) encontraron, en variedades provenientes de Perú, mediante un estudio de isoenzimas, clones denominados con el mismo nombre con diferentes patrones electroforéticos asociados a características diferenciales del tubérculo. Según los mismos autores, estas incongruencias revelan el desinterés por parte del

agricultor en realizar una correcta identificación, así como las diferencias de conocimiento entre productores. En este trabajo, también se observaron discrepancias entre los nombres otorgados por el productor y los patrones electroforéticos obtenidos. Como ejemplo pueden citarse los clones CCS 1247, CCS 1367, CI 821, coleccionados con el nombre de "Tuni", "Blanca rosada" y "Cuarentona toscra" respectivamente, que fueron incluidos en el grupo I, por la similitud morfológica de los tubérculos y patrones electroforéticos idénticos a las variedades "Collareja" y "Runa". Esto también sucedió con los clones CCS 1353, CCS 1300, CI 776, CCS 1248, CC 1176, CCS 1371, que fueron reagrupados considerando las características morfológicas de los tubérculos y los patrones electroforéticos obtenidos.

Por otra parte se detectaron clones coleccionados con diferentes nombres que mostraron el mismo genotipo y esto es muy común dentro del sistema de clasificación de los agricultores, ya que una variedad, dependiendo del sitio donde se encuentre, puede recibir diferentes denominaciones. Por ejemplo: "Ojos colorados", "Colorana", "Pera", "Señorita" serían sinónimos de acuerdo a los resultados obtenidos en este estudio. Por otra parte, esto lleva a tener en cuenta una menor cantidad de variedades comparadas con las que inicialmente fueron consideradas.

A pesar de la gran variabilidad detectada dentro de adg, se encontraron 81 clones que no difirieron entre sí sobre un total de 154 clones analizados en este estudio. La presencia de duplicados está relacionado con el intercambio de tubérculo-semilla a través del sistema de comercialización de las ferias (Rojas *et al.*, 1997) o entre productores, generalmente con el objetivo de reducir la incidencia de virus (Zimmerer y Douches, 1991).

Los resultados de este estudio permiten concluir que los SSRs son una herramienta útil que pueden ser empleados satisfactoriamente para identificar genotipos, analizar la distribución de la diversidad genética, determinar la presencia de clones duplicados y mal identificados, incrementando de esta forma la eficiencia de la conservación y caracterización de germoplasma.

Mediante la utilización de un mayor número de SSRs como así también la inclusión de un mayor número de caracteres morfológicos se podría resolver

la identidad de algunos clones como así también confirmar la existencia de clones duplicados.

Este estudio provee información útil tanto para el uso de este material en futuros programas de mejoramiento genético como para la conservación *ex situ* e *in situ*. Para la conservación *ex situ*, la detección de duplicados es importante e incrementa la eficiencia de la conservación, ya que los mismos no contribuyen a la diversidad genética existente en la colección y demandan costos de conservación y mantenimiento. La magnitud y distribución de la diversidad genética son fundamentales para elaborar futuras estrategias de muestreo, para facilitar la selección del sitio apropiado para la conservación *in situ* como así también determinar el número de clones a conservar.

CONCLUSIONES

- La mayoría de las variedades de adg que se cultivan en la provincia de Jujuy están compuestas por más de un genotipo.
- La mayor proporción de la diversidad genética se distribuye entre sitios dentro de cada departamento.

BIBLIOGRAFÍA

- Albeck, M. E. 1993. Contribución al estudio de los sistemas agrícolas prehispanos de Casabindo. Tesis Doct. Universidad Nacional de La Plata.
- Anderson, J.A. 1993. Optimizing parental selection for genetic linkage maps. *Genome* 36: 181-186.
- Astely, D.y Hawkes, J.G. 1979. The nature of the Bolivian weed potato species *Solanum sucrensis* Hawkes. *Euphytica* 28: 685-696.
- Borner, A., Chebotar, S. y Korzun, V. 2000. Molecular characterization of the genetic integrity of wheat (*Triticum aestivum* L.) germplasm after long-term maintenance. *Theor. Appl. Genet.* 100: 494-497.
- Bornet, B., Goraguer, F., Joly, G. y Branchard, M. 2002. Genetic diversity in european and Argentinian cultivated potatoes (*Solanum tuberosum* subsp. *tuberosum*) detected by inter-simple sequence repeats (ISSRs). *Genome* 45(3): 481-484.
- Bramardi, S.J. 2000. Estrategias para el análisis de datos en la caracterización de recursos fitogenéticos. Tesis Doct. Univ. Politecnica de Valencia. Departamento de Estadística e Investigación Operativa.
- Brown, A.H.D. 1978. Isozymes, plant population genetics structure and genetic conservation. *Theor. Appl. Genet.* 52: 145-157.
- Brown, A.H.D. 1999. The Genetic structure of crop landraces and the challenge to conserve them *in situ* on farms. En: Brush, S.B. ed. *Genes in the field. On-farm conservation of crop diversity.* Lewis Publishers, Boca Raton, Florida. EEUU. pp. 29-48.
- Brush, S.B. 1991. A farmer- based approach to conserving crop germplasm. *Econ. Bot.* 45(2): 153-165.
- Brush, S.B., Carney, H.J. y Huamán, Z. 1980. Dynamics of andean potato agriculture. *Econ. Bot.* 35: 70-88.
- Bukasov, S.M. 1971. Cultivated potato species. En: Bukasov, S.M. ed. *Flora of cultivated plants.* Kolos, Leningrado, Rusia. pp. 5-40.
- Cabrera, A.L. y Willink, A. 1980. Biogeografía de América latina. OEA. Programa de desarrollo científico y tecnológico. Serie de Biología. Monografía N° 13. 122 p.

- Camadro, E.L. 1986. Los gametos $2n$ en el origen y evolución de las angiospermas poliploides. *Mendeliana* 7(2): 85-100.
- Clausen, A.M. 1989. Collecting indigenous potato varieties in northwest Argentina. *Plant Genetic Resources Newsletter* 80: 38-39.
- Clausen, A.M., Colavita, M., Butzonitch, I., Carranza, A.V. 2003. A potato collecting expedition in the province of Jujuy, Argentina and disease indexing of virus and fungus pathogens in Andean cultivars. *Genet. Res. Crop Evol.* En prensa.
- Cribb, P.J. y Hawkes, J.G., 1986. Experimental evidence for the origin of *Solanum tuberosum* subspecies *andigena*. En: D' Arcy, W.G. ed. *Solanaceae: biology and systematics*. Columbia University Press, New York. pp. 383-404.
- De Jong, H. 1987. Inheritance of pigmented tuber flesh in cultivated diploid potatoes. *Am. Potato J.* 64: 337-343.
- De Jong, H. 1991. Inheritance of anthocyanin pigmentation in the cultivated potato: A critical review. *Am. Potato J.* 68: 585-593.
- del Rio, A.H., Bamberg, J.B. y Huaman, Z. 1997a. Assessing changes in the genetic diversity of potato gene banks. 1. Effects of seed increase. *Theor. Appl. Genet.* 95: 191-198.
- del Rio, A.H., Bamberg, J.B., Huaman, Z., Salas, A. y Vega, S.E. 1997b. Assessing changes in the genetic diversity of potato gene bank. 2. *In situ* vs *ex situ*. *Theor. Appl. Genet.* 95: 199-204.
- Dje, Y., Heuertz, M., Lefebvre, C. y Vekemans, X. 2000. Assessment of genetic diversity with and among germplasm accessions in cultivated sorghum using microsatellite markers. *Theor. Appl. Genet.* 100: 918-925.
- Dodds, K.S. 1962. Classification of cultivated potatoes. En: Correll, D.S. ed. *The potato and its wild relatives*. Texas Research Foundation. Renner, Texas. pp. 517-539.
- Excoffier, L., Smouse, P. y Quattro, J. 1992. Analysis of molecular variance inferred from metric distance among DNA haplotypes: application to human mitochondrial DNA restriction data. *Genetics* 131: 479-491.
- Ghebru, B., Schmidt, R.J. y Bennetzen, J.L. 2002. Genetic diversity of eritrean sorghum landraces assessed with simple sequence repeat (SSR) markers. *Theor. Appl. Genet.* 105: 229-236.
- Ghislain, M., Rodriguez, F., Villamón, F., Núñez, J., Waugh, R. y Bonierbale, M. 2000. Establishment of microsatellite assays for potato genetic identification. CIP Program Report. 167-174.

- Goulao, L., Valdivieso, T., Santana, C. y Moniz Oliveira, C. 2001. Comparison between phenetic characterisation using RAPD and ISSR markers and phenotypic data of cultivated chestnut (*Castanea sativa* M. LL.). Genet. Res. Crop Evol. 48: 329-338.
- Gower, J.C. 1966. Some distance properties of latent root and vector methods in multivariate analysis. Biometrika 53: 315-328.
- Grun, P. 1990. The evolution of cultivated potatoes. Econ. Bot. 44: 39-55.
- Hamada, H., Petrino, M.G. y Kakunaga, T. 1982. A novel repeated element with Z-DNA- forming potential is widely found in evolutionary diverse eukaryotic genomes. Proc. Natl. Acad. Sci. USA 79: 6465-6469.
- Harlan, J.R. 1975. Our vanishing genetic resources. Science 188: 618-621.
- Hawkes, J.G. 1947. On the origin and meaning of South American Indian potato names. Journ. Linn. Soc. Botany 53 (50): 205-250.
- Hawkes, J.G. y Hjerting, J.P. 1969. The potatoes of Argentina, Brazil, Paraguay and Uruguay. A biosystematic study. Oxford University Press, Oxford. 525 p.
- Hawkes, J.G. 1983. The diversity of crop plants. Cambridge London. 184 p.
- Hawkes, J.G. 1990. The Potato. Evolution, Biodiversity and Genetic Resources. Belhaven Press, London. 259 p.
- Haymes, H. 1996. Mini-prep method suitable for plant breeding program. Plant Mol. Biol. Rep. 14(3): 280-284.
- Hokanson, S.C., Szewc-McFadden, A.K., Lamboy, W.F. y Mc Ferson, J.R. 1998. Microsatellite (SSR) markers reveal genetic identities, genetic diversity and relationships in a *Malus x domestica* Borkh. core subset collection. Theor. Appl. Genet. 97: 671-683.
- Hormaza, J.I. 2002. Molecular characterization and similarity relationships among apricot (*Prunus armeniaca* L.) genotypes using simple sequence repeats. Theor. Appl. Genet. 104: 321-328.
- Hosaka, K. y Hanneman, R.E. 1988. The origin of the cultivated tetraploid potato based on chloroplast DNA. Theor. Appl. Genet. 76: 172-176.
- Howard, H.W. 1970. Genetics of the Potato (*Solanum tuberosum* L.). Logos Press, London. 126 p.
- Huamán, Z. 1984. The evaluation of potato germplasm at the International Potato Center. En: Holden, J.G.W., Williams, J.T. (eds.). Crop genetic resources: Conservation and Evaluation. Allen G. and Unwin. Press, London. pp 199 -206.

- Huamán, Z. 2000. Semilleros comunales de papas nativas del Perú. *Revista AgroNoticias* 251: 28-31.
- Huamán, Z., Ortiz, R., Zhang, D. y Rodriguez, F. 2000. Isozyme analysis of entire and core collections of *Solanum tuberosum* subsp. *andigena* potato cultivars. *Crop Sci.* 40: 273-276.
- Huamán, Z. y Spooner, D.M. 2002. Reclassification of landrace populations of cultivated potatoes (*Solanum* sect. *Petota*). *Am. J. Bot.* 89: 947-965.
- Huarte, M.A., Clausen, A.M., Camadro, E.L., Cortés, M.C., Masuelli, R.W., Capezio, M., Echeverría, M.d.I.M., Mantecón, J. y Vega, E. 1991. Utilización de mayor variabilidad genética en el programa argentino de mejoramiento de papa. En: *Actas del II simposio latinoamericano sobre recursos genéticos de especies hortícolas*. 22 al 25 de setiembre de 1991. Mar del Plata, Argentina. pp. 191-210.
- Hunter, L.R. y Markert, C.L., 1957. Histochemical demonstration of enzymes separated by zone electrophoresis in starch gels. *Science* 125: 1294-1295.
- Iwanaga, M. y Peloquin, S.J. 1982. Origen and evolution of cultivated tetraploid potatoes via $2n$ gametes. *Theor. Appl. Genet.* 61: 161-169.
- Jackson, M.T., Hawkes, J.G. y Rowe, P.R. 1980. An ethnobotanical field study of primitive potato varieties in Peru. *Euphytica* 29: 107-113.
- Jhons, T. y Keen, S.L. 1986. Ongoing evolution of the potato on the altiplano of western Bolivia. *Econ. Bot.* 40: 409-424.
- Karp, A., Kresovich, S., Bhat, K.V., Ayad, W.G. y Hodgkin, T. 1997. Molecular tools in plant genetic resources conservation: a guide to the technologies. IPGRI Technical Bulletin Nº 2. International Plant Genetic Resources Institute, Roma, Italia. 47 p.
- Kawchuk, L.M., Lynch, J.T., Penner, B., Sillito, D. y Kulcsar, F. 1996. Characterization of *Solanum tuberosum* simple sequence repeats and application to potato cultivar identification. *Am. Potato J.* 73: 325-335.
- Lechnovich, V.S. 1971. Cultivated potato species. En: Bukasov, S.M. ed. *Flora of cultivated plants*. Kolos, Leningrado, Rusia. pp. 41-304.
- Li, C.-H., Fatokun, A., Ubi, B., Singh, B.B. y Scoles, G.J. 2001. Determining genetic similarities and relationships among Cowpea breeding lines and cultivars by microsatellite markers. *Crop Sci.* 41: 189-197.
- Manifiesto, M.M., Schlatter, A.R., Hopp, H.E., Suárez, E.Y. y Dubcovsky, J. 2001. Quantitative Evaluation of genetic diversity in wheat germplasm using molecular markers. *Crop Sci.* 41: 682-690.

- Matsubayashi, M. 1991. Phylogenetic relationships in the potato and its related species. En: Tsuchiya, T. y Gupta, P.K. eds. Chromosome engineering in plants: genetics, breeding, evolution. Part. B Elsevier, Amsterdam. pp. 93-118.
- Maxted, N., Ford-Lloyd, B.V. y Hawkes, J.G. 1997. Complementary conservation strategies. En: Maxted N., Ford-Lloyd, B.V. y Hawkes J.G. eds. Plant Genetic Conservation: The *In Situ* Approach. Chapman & Hall, London. pp. 15-19.
- Maxted, N. y Hawkes, J.G. 1997. Selection of target taxa. En: Maxted, N., Ford-Lloyd, B.V. y Hawkes, J.G. eds. Plant genetic conservation: The *In Situ* Approach. Chapman & Hall, London. pp. 43-68.
- Maxted, N., Guarino, L., Myer, L. y Chiwona, E.A. 2002. Towards a methodology for on-farm conservation of plant genetic resources. Genet. Res. Crop Evol. 49: 31-46.
- McGregor, C.E., Greyling, M.M. y Warnich, L. 2000a. The use of simple sequence repeats (SSRs) to identify commercially important potato (*Solanum tuberosum* L.) cultivars in South Africa. S. Afr. Tydskr. Plant Ground 17 (4): 177-179.
- McGregor, C.E., Lambert, C.A., Greyling, M.M., Louw, J.H. y Warnich, L. 2000b. A comparative assessment of DNA fingerprinting techniques (RAPD, ISSR, AFLP and SSR) in tetraploid potato (*Solanum tuberosum* L.) germplasm. Euphytica 113: 135-144.
- McGregor, C.E., van Treuren, R., Hoekstra, R. y van Hintum, Th.J.L. 2002. Analysis of the wild potato germplasm of the series *Acaulia* with AFLPs: implications for ex situ conservation. Theor. Appl. Genet. 104: 146-156.
- Milbourne, D., Meyer R., Bradshaw J.E., Baird E., Bonar N., Provan J., Powell W. y Waugh R. 1997. Comparison of PCR-Based marker systems for the analysis of genetic relationships in cultivated potato. Mol. Breed. 3: 127-136.
- Milbourne, D., Meyer, R.C., Collins, A.J., Ramsay, L.D., Gebhardt, C. y Waugh, R. 1998. Isolation, characterisation and mapping of simple sequence repeat loci potato. Mol. Gen. Genet. 259: 233-245.
- Newbury, H.J. y Ford-Lloyd, B.V. 1997. Estimation of genetic diversity. En: Maxted, N., Ford-Lloyd, B.V. y Hawkes, J.G. eds. Plant Genetic Conservation: The *In Situ* Approach. Chapman and Hall, London. pp. 192-218.
- Norero, N., Malleville, J., Huarte, M. y Feingold, S. 2003. Cost efficient potato (*Solanum tuberosum* L.) cultivar identification by microsatellite amplification. Potato Res. En prensa.

- Ochoa, C.M. 1990. The potatoes of South América: Bolivia. Cambridge University Press, cambridge. 551 p.
- Ortega, R. 1997. Peruvian *in situ* conservation of Andean crops. En: Maxted, N., Ford-Lloyd, B.V. y Hawkes, J.G. eds. Plant Genetic Conservation: The *In Situ* Approach. Chapman and Hall, London. pp. 302-312.
- Ortiz, R., 2001. The state of the use of potato genetic diversity. En: Cooper, H.D., Spillane, C. y Hodgkin, T. eds. Broadening the genetic base of crop production. FAO and IPGRI. pp. 181-200.
- Perazzo, G., Panta, A., Rodriguez, F., Gomez, R., Toledo, J., Huamán, Z., Ghislain, M., Golmirzaie, A.M. y Roca, W. 2000. Clonal true verification of potato accessions retrieved from *in vitro* conservation and cryopreservation. CIP Program Report: 175-183.
- Perera, L., Russell, J.R., Provan J. y Powell W. 2000. Use of microsatellite DNA markers to investigate the level of genetic diversity and population genetic structure of coconut (*Cocos nucifera* L.). Genome 43: 15-21.
- Powell, W., Machray, G.C. y Provan, J. 1996. Polymorphism revealed by simple sequence repeats. Trends Plant Sci. 1: 215-222.
- Prance, G.T. 1997. The conservation of botanical diversity. En: Maxted, N., Ford-Lloyd, B.V. y Hawkes, J.G. eds. Plant genetic Conservation: The *In Situ* Approach. Chapman & Hall, London. pp. 3-14.
- Prevost, A. y Wilkinson, M.J. 1999. A new system of comparing PCR primers applied to ISSR fingerprinting of potato cultivars. Theor. Appl. Genet. 98: 107-112.
- Provan, J., Powell, W., Dewar, H., Bryan, G., Machray, G.C. y Waugh, R. 1999. An extreme cytoplasmic bottleneck in the modern European cultivated potato (*Solanum tuberosum*) is not reflected in decreased levels of nuclear diversity. Proc. R. Soc. Lond. B 266: 633-639.
- Provan, J., Powell, W. y Waugh, R. 1996. Microsatellite analysis of relationships within cultivated potato (*Solanum tuberosum*). Theor. Appl. Genet. 92: 1078-1084.
- Quiros, C.F., Brush, S.B., Douches, D.S., Zimmerer, K.S. y Huestis, G. 1990. Biochemical and folk assessment of variability of andean cultivates potatoes. Econ. Bot. 44 (2): 254-266.
- Raina, S.N., Rani, V., Kojima, T., Ogihara, Y., Singh, K.P. y Devarumath, R.M. 2001. RAPD and ISSR fingerprints as useful genetic markers for analysis of genetic diversity, varietal identification, and phylogenetic relationships in peanut (*Arachis hypogea*) cultivars and wild species. Genome 44(5): 763-772.

- Raker, C.M. y Spooner, D.M. 2002. Chilean tetraploid cultivated potato, *Solanum tuberosum*, is distinct from the Andean populations: microsatellite data. *Crop Sci.* 42: 1451-1458.
- Rohlf, F.J. 2000. Numerical Taxonomy and Multivariate Analysis System NTSYSp. Versión 2.1.
- Rojas, F., Franco, J. y Ortuño, N. 1997. Las ferias agrícolas: fuente de diseminación de *Nacobbus aberrans*. *Rev. Latinoamericana de la Papa* 35-45.
- Rongwen, J., Akkaya, M.S., Bhagwat, A.A., Lavi, U. y Gregan, P.B. 1995. The use of microsatellite DNA markers for soybean genotype identification. *Theor. Appl. Genet.* 90: 43-48.
- Ross, H. 1986. *Potato-breeding Problems and Perspectives*. Verlag Paul Parey, Berlin and Hamburg. 132 p.
- Rovaretti, L.E. 1992. Caracterización electroforética de variedades indígenas de papa (*Solanum tuberosum* ssp. *andigena*) del noroeste Argentino. Tesis de Grado. Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Mar del Plata.
- Schlotterer, C. y Tautz, D. 1995. Slippage synthesis of simple sequence DNA. *Nucleic Acids Res.* 20: 211-215.
- Schneider S., Roessli, D. y Excoffier, L., 2000. Arlequin ver. 2000: A software for population genetics data analysis. Genetics and Biometry Laboratory, University of Geneva, Suiza.
- Sokal, R.R. y Michener, C.D. 1958. A statistical method for evaluating systematic relationship. *Univ. Kansas. Sci. Bull* 38: 1409-1438.
- Sokal, R.R. y Rohlf, F.J. 1962. The comparison of dendograms by objective methods. *Taxon* 11: 33-40.
- Spooner, D.M., Hetterscheid, W.L.A., van den Berg, R.G. y Brandenburg, W.A. 2003. Plant nomenclature and taxonomy: An horticultural and agronomic perspective. *Hort. Rev.* 28: 1-60.
- Spooner, D.M. y Hijmans, R.J. 2001. Potato systematics and germplasm collecting, 1989-2000. *Amer. J. of Potato Res.* 78: 237-268.
- Struss, D. y Plieske, J. 1998. The use of microsatellite markers for detection of genetic diversity in barley populations. *Theor. Appl. Genet.* 97: 308-315.
- Swaminathan, M.S. y Magoon, M.L. 1961. Origen and cytogenetics of the comercial Potato. *Adv. Genet.* 10: 217-256.

- Teshome, A., Baum, B.R., Fahrig, L., Torrance, J.K., Arnason, T.J. y Lambert, J.D. 1997. Sorghum (*Sorghum bicolor* (L.) Moench) landrace variation and classification in North Shewa and South Welo, Etiopia. *Euphytica* 97: 255-263.
- Thomas, M.R. y Scott, N.S. 1993. Microsatellite repeats in grapevine reveal DNA polymorphisms when analysed as sequence-tagged sites (STSs). *Theor. Appl. Genet.* 86: 985-990.
- Ugent, D. 1970. The potato. *Science* 170: 1161-1166.
- United Nations Conference on Environment & Development. 1992. Biodiversity Convention. UNCED, Genova.
- Viirsoo, E. 1954a. Observaciones en papa andinas. *Rev. Agronómica Noroeste Argentino* 1 (2): 87-97.
- Viirsoo, E. 1954b. Informe sobre la resistencia a las heladas de algunas especies argentinas del genero *Solanum*. *Rev. Agronómica Noroeste Argentino* 1 (2): 83-86.
- Viirsoo, E. 1967. Comportamiento de especies silvestres tuberíferas y de formas autóctonas del género *Solanum* en las montañas de Catamarca. *IDIA* 16-31.
- Weber, J.L. 1990. Informativeness of human (dC-da)_n-(dG-dT)_n polymorphisms. *Genomics* 7: 524-530.
- Wunsch, A. y Hormaza, J.I. 2002. Molecular characterisation of sweet cherry (*Prunus avium* L.) genotypes using peach [*Prunus persica* (L.) Batsch] SSR sequences. *Heredity* 89: 56-63.
- Zeven, A.C. 1998. Landraces: a review of definitions and classification. *Euphytica* 104: 127-139.
- Zeven, A.C., Dehmer, K.J., Gladis, T., Hammer, K. y Lux, H. 1998. Are the duplicates of perennial kale (*Brassica oleracea* L. var. *racemosa* D.C.) true duplicates as determined by RAPD analysis? *Genet. Res. Crop Evol.* 45: 105-111.
- Zhang, D.P., Carbajulca, D., Ojeda, L., Rossel, G., Milla, S., Herrera, C. y Ghislain, M. 2000. Microsatellite analysis of genetic diversity in sweetpotato varieties from Latin America. *CIP Program Report*: 295-301.
- Zhang, D.P., Huamán, Z., Rodríguez, F. y Ghislain, M. 2001. Identifying duplicates in sweetpotato (*Ipomea batatas* (L.) Lam.) varieties using RAPD. *Acta Horticultural* 546: 535-541.

Zimmerer, K.S. y Douches, D.S. 1991. Geographical approaches to crop conservation: the partitioning of genetic diversity in andean potatoes. *Econ. Bot.* 45(2): 176-189.