

**UNIVERSIDAD NACIONAL AGRARIA
LA MOLINA**

ESCUELA DE POSTGRADO

**MAESTRÍA EN MEJORAMIENTO GENÉTICO DE
PLANTAS**



**EVALUACIÓN DE LA DIVERSIDAD GENÉTICA DE COLECCIONES
DE *Smilax sonchifolius* (Poepp. & Endl.) “YACÓN” DEL PERÚ**

Presentado por:

JULIÁN VICENTE SOTO TORRES

**TESIS PARA OPTAR EL GRADO DE
MAGISTER SCIENTIAE EN MEJORAMIENTO GENÉTICO DE
PLANTAS**

Lima-Perú

2012

**UNIVERSIDAD NACIONAL AGRARIA
LA MOLINA**

ESCUELA DE POSTGRADO

**MAESTRÍA EN MEJORAMIENTO GENÉTICO DE
PLANTAS**

**EVALUACIÓN DE LA DIVERSIDAD GENÉTICA DE COLECCIONES
DE *Smallanthus sonchifolius* (Poepp. & Endl.) “YACÓN” DEL PERÚ**

**TESIS PARA OPTAR EL GRADO DE
MAGISTER SCIENTIAE**

Presentado por:

JULIÁN VICENTE SOTO TORRES

Sustentada y aprobada ante el siguiente jurado:


M.Sc. Lourdes Tapia y Figueroa

PRESIDENTE


Dr. William Roca Pizzini

PATROCINADOR


Dr. Raúl Blas Sevillano

MIEMBRO


M.Sc. Ricardo Sevilla Panizo

MIEMBRO

ACTA DE SUSTENTACIÓN

Los Miembros del Jurado que suscriben, reunidos para evaluar la sustentación de tesis presentada por el alumno **JULIÁN VICENTE SOTO TORRES**, denominada: **EVALUACIÓN DE LA DIVERSIDAD GENÉTICA DE COLECCIONES DE *Smilax sonchifolius* (Poepp. & Endl.) "YACÓN" DEL PERÚ**, para cumplir con uno de los requisitos para optar el grado académico de *Magister Scientiae* en la Especialidad de **MEJORAMIENTO GENÉTICO DE PLANTAS**.

Teniendo en consideración los méritos del referido trabajo así como los conocimientos demostrados por el sustentante, declaramos la tesis como:

Aprobado

Excelente

con el calificativo (*) de



En consecuencia, queda en condición de ser considerado APTO por el Consejo Universitario y recibir el grado académico de *Magister Scientiae*, de conformidad con lo estipulado en el Artículo 41° del Reglamento de la Escuela de Post Grado.

La Molina, 18 de enero del 2012


M.S. Lourdes Tapia y Figueroa
PRESIDENTE


Dr. William Roca Pizzini
PATROCINADOR

Dr. Raúl Blas Sevillano
MIEMBRO


M.Sc. Ricardo Sevilla Panizo
MIEMBRO

(*) De acuerdo con el Artículo 17° del Reglamento de Tesis, éstas deberán ser calificadas con términos de: EXCELENTE, MUY BUENO, BUENO o REGULAR.

DEDICATORIA

A mis padres Donato y Elva

Por ser los mejores ejemplos a seguir, no solo como profesionales sino ejemplos de vida.

A mi abuelo Julián

Que desde el cielo cuida a toda mi familia.

Y en especial a Heidi

Porque eres la razón de mi felicidad.

AGRADECIMIENTOS

A mi esposa Heidi, por ser mi compañera de vida, mejor amiga y porque siempre está a mi lado alentándome y alegrando mi vida cada día más.

A mis padres, por brindarme su apoyo incondicional y confianza en todo momento y por darme el mejor ejemplo de perseverancia. A mis hermanos Carlos, Raquel, Cesar, Yasmín, Kathia, Cristina y Diana por formar siempre parte de mi vida. A mi abuelo Julian por haber sido un ejemplo de vida a seguir y a mi abuela Faura por su dedicación como madre y abuela. Y a mí ahijado Donato por sus ocurrencias y travesuras que alegran la vida de toda mi familia.

A mi asesor el Dr. Willian Roca por sus consejos y orientaciones, de igual manera, al M. Sc. Ricardo Sevilla y al Dr. Raúl Blas por brindar grandes aportes para el beneficio del presente trabajo. Y a todos mis profesores y compañeros de la maestría de Mejoramiento Genético de plantas por compartir sus enseñanzas y experiencias como profesionales.

Al Blgo. Ivan Manrique y al Dr. David Tay por permitirme participar en el proyecto de “Homologación de Raíces y Tuberosas Andinas” dentro del equipo de trabajo del Banco de Germoplasma del Centro Internacional de la Papa. A todos los Curadores de los bancos de germoplasma de yacón que participaron en este proyecto, así como a los ingenieros, técnicos y agricultores que de una u otra manera formaron parte de esta investigación y me ayudaron a concluir con este trabajo.

A todos mis amigos y colegas del Laboratorio de ABL, Marcadores moleculares II y del Banco de germoplasma del CIP, en especial a: Ronald Robles, Jorge Biondi, Giancarlo Espinoza, Juan Herrera, Angie Román y Rocio Alagon.

EVALUACIÓN DE LA DIVERSIDAD GENÉTICA DE COLECCIONES DE *Smallanthus sonchifolius* (Poepp. & Endl.) “YACÓN” DEL PERÚ

RESUMEN

Se han realizado pocos estudios sobre la diversidad genética del yacón y en el pasado las colecciones del Perú han sido evaluadas usando diferentes descriptores morfológicos en diferentes ambientes, lo que ha hecho difícil obtener conclusiones confiables acerca de la diversidad del yacón. El objetivo del presente trabajo fue estimar la diversidad genética de las 6 colecciones más representativas de yacón en el Perú usando marcadores moleculares AFLP y descriptores morfológicos.

El índice de diversidad genética es bajo para toda la colección de yacón y presentó niveles similares de diversidad entre las 6 colecciones, además el análisis de AMOVA mostró que la diversidad entre las 3 regiones evaluadas (norte, centro y sur) y entre los departamentos que la conforman es significativa pero no muy diferente. El análisis de agrupamiento y Factorial (ACoP) sugiere una diferenciación geográfica.

Las características morfológicas evaluadas explican confiablemente la variabilidad total de la colección entera. Los caracteres de flor y hoja son los más eficientes para discriminar la variación total, mientras que, el carácter de “tendencia de formación de hendiduras en la raíz” y el carácter de “pigmentación de la hoja apical” presentaron los valores informativos más bajos. El índice de diversidad de Shannon-Weaver indica a nivel morfológico y molecular que los valores más altos de diversidad están en Ayacucho y Apurímac.

La comparación de matrices por el test de Mantel muestra una correlación media ($r = -0.52$) entre los datos moleculares y morfológicos y el agrupamiento morfológico – molecular identificó principalmente 24 grupos asociando preferentemente a regiones geográficas.

ASSESSMENT OF GENETIC DIVERSITY OF COLLECTIONS OF *Smallanthus sonchifolius* (Poepp. & Endl.) “YACON” OF PERU

ABSTRACT

Few studies have been conducted on the diversity of yacon in Peru. The Peruvian yacon collections studied in the past used different morphological descriptors and environments, making it difficult to obtain reliable conclusions on their diversity. The aim of this study was to estimate the diversity of the six most representative yacon collections from Peru using AFLP markers and morphological descriptors.

The genetic diversity index in all collections was low, and between six collections the diversity levels were very similar. Additionally the AMOVA analyze showed that genetic diversity in the three regions (northern, central and southern Peru), and also between Departments of origin, it was not very significant. The cluster and factorial analyses (PCoA) suggested a geographical differentiation of diversity.

The assessed morphological descriptors explained the reliably variability of the entire collections. Flower and leaf characters were the most reliable characters to explain yacon variability; however, the “tendency of roots to cracks” and “apical leaf pigmentation” provided a little information. The Shannon-Weaver index showed that Ayacucho and Apurimac Departments presented the highest level of diversity in both, morphological and molecular data.

The matrix comparisons by Mantel test showed a medium level ($r = -0.52$) of correlation between molecular and morphological data and the morphological-molecular cluster showed 24 main groups with geographic relation.

ÍNDICE GENERAL

I.	INTRODUCCIÓN	1
II.	REVISIÓN DE LITERATURA	2
2.1	El Cultivo de Yacón	2
2.2	Distribución Geográfica y Migración a otros Continentes	2
2.3	Número Cromosómico	3
2.4	Importancia del Cultivo de Yacón	3
2.5.	Variabilidad y Diversidad Genética	6
2.6.	Marcadores Moleculares	7
2.7.	Métodos para la Caracterización y el Análisis de Diversidad Genética	7
2.7.1.	Índices de similitud	7
a.	Índice de similaridad Jaccard	8
b.	Índice de Gower	8
2.7.2.	Análisis de Conglomerados	8
a.	Método de agrupamiento UPGMA	9
b.	Método de Neighbor-Joining	9

2.7.3. Prueba de remuestreo (Boopstrap)	10
2.7.4. Coeficiente de Correlación cofenético (r)	10
2.7.5. Métodos Multivariados	11
a. Análisis factorial de Coordenadas Principales (ACoP)	11
b. Análisis de Correspondencias (AC)	11
c. Test de Mantel	11
2.7.6. Índices de Diversidad genética	12
a. Diversidad genética de Nei (D)	12
b. Índice de diversidad de Shannon-Weaver	12
2.7.7. Análisis de Varianza molecular – AMOVA	13
III. MATERIALES Y MÉTODOS	14
3.1. Material Vegetal	14
3.2. Extracción de ADN	14
3.3. Análisis Molecular AFLP	15
3.4. Caracterización Morfológica	15
3.5. Análisis de Resultados	15

IV. RESULTADOS Y DISCUSIÓN	17
4.1. Resultados	17
4.1.1. Caracterización molecular	17
a. Selección de las mejores combinaciones de iniciadores AFLP.	17
b. Evaluación molecular de las colecciones de yacón	17
c. Análisis de agrupamiento y patrón de distribución geográfica	18
d. Riqueza genética	19
e. Diversidad genética de Nei (D)	22
f. Análisis de Varianza Molecular – AMOVA	22
4.1.2. Evaluación de la Caracterización Morfológica	24
a. Evaluación del porcentaje de contribución de los descriptores morfológicos a la variación total	24
b. Comparación de los agrupamientos según eficiencia de discriminación de los descriptores	26
c. Índice de diversidad de Shannon – Weaver	29
4.1.3. Comparación entre los datos morfológicos y moleculares	30
4.1.4. Agrupamiento morfológico-molecular	31

4.2. Discusión	34
V. CONCLUSIONES	37
VI. RECOMENDACIONES	38
VII. REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS	39
VIII. ANEXOS	47

ÍNDICE DE CUADROS

Cuadro 1: Número de accesiones evaluadas de cada institución.	14
Cuadro 2: Combinaciones de iniciadores AFLPs (Eco+3/Mse+3) usados en la caracterización molecular del yacón.	17
Cuadro 3: Grupos duplicados y las accesiones que lo conforman.	18
Cuadro 4: Número de bandas presentes, exclusivas y compartidas.	21
Cuadro 5: Diversidad genética de la colección total de yacón (359 accesiones) según el índices de Nei.	22
Cuadro 6: Análisis de Varianza Molecular de las seis colecciones de yacón.	23
Cuadro 7: Comparación de las distancia genéticas entre los Departamentos de procedencia.	23
Cuadro 8: Análisis de Correspondencia Múltiple de los descriptores morfológicos Evaluados en el 2008, porcentaje de inercia, sus valores y significancia en cada dimensión.	27
Cuadro 9: Análisis de Correspondencia Múltiple de los descriptores morfológicos Evaluados en el 2009, porcentaje de inercia, sus valores y significancia en cada dimensión.	27

ÍNDICE DE FIGURAS

- Figura 1:** Distribución de las accesiones de yacón de los 6 bancos de germoplasma utilizados en este estudio. 4
- Figura 2:** **A.** Características morfológicas del yacón (*Smallanthus sonchifolius*). **B.** Morfotipo presente en la zona norte del Perú. **C.** Tipos de la lámina de la hoja. **D.** Tipos de inflorescencia, color y forma de la flor ligulada. 5
- Figura 3:** Hipótesis sobre la evolución del yacón según Ishiki et al. 1997. 6
- Figura 4:** Dendrograma formado por las 359 accesiones de la colección total de yacón de los 6 bancos de germoplasma usando marcadores AFLP. 19
- Figura 5:** Distribución geográfica de los grupos genéticos identificados según el análisis de agrupamiento molecular AFLP. 20
- Figura 6:** Análisis de Coordenadas Principales. Grupo I: Accesiones del norte, Grupo II: Accesiones del sur, Grupo III: Accesiones procedentes de las tres regiones. 21
- Figura 7:** **A.** Dendrograma formado por 223 accesiones de yacón perteneciente a 6 bancos de germoplasma mediante un análisis de agrupamiento por 15 marcadores morfológicos, analizadas en la campaña 2008. **B.** Dendrograma formado por 214 accesiones de yacón perteneciente a 6 bancos de germoplasma mediante un análisis de agrupamiento por 17 marcadores morfológicos, analizadas en la campaña 2009. 25
- Figura 8:** Comparación de matrices entre diferentes agrupamientos formados según la eficiencia de discriminación de los descriptores morfológicos del 2008. 28

Figura 9: Comparación de matrices entre diferentes agrupamientos formados según la eficiencia de discriminación de los descriptores morfológicos del 2009.	28
Figura 10: Comparación de la diversidad mediante el índice de Shannon-Weaver entre Departamentos según la caracterización morfológica del 2008.	29
Figura 11: Comparación de la diversidad mediante el índice de Shannon-Weaver entre Departamentos según la caracterización morfológica del 2009.	29
Figura 12: Comparación de la diversidad mediante el índice de Shannon-Weaver entre Departamentos según la caracterización molecular AFLP.	30
Figura 13: Dendrograma con 211 accesiones de yacón agrupados según datos de caracterización morfológico 2009 y datos molecular de 6 combinaciones AFLP.	32
Figura 14: Distribución geográfica de los grupos genéticos identificados según el análisis de agrupamiento morfológico -molecular de 211 accesiones de yacón.	33

ÍNDICE DE ANEXOS

Anexo 1: Principales datos pasaporte de las accesiones de las colecciones de yacón utilizadas en este estudio.	47
Anexo 2: Lista y detalles de los Protocolos de AFLP. El protocolo está basado en Vos et al. (1995) y optimizado para usar todos los reactivos en el CIP.	53
Anexo 3: Lista de descriptores de yacón. (Arbizu, et al., 2001).	55

I. INTRODUCCIÓN

En el Perú se conservan *ex situ* 365 entradas o accesiones de yacón (Figura 1) como colecciones clonales en bancos de germoplasma del Instituto Nacional de Investigación Agraria (INIA), Universidad Nacional de Cajamarca (UNC), Universidad Nacional San Antonio de Abad del Cuzco (UNSAAC), Centro Internacional de la Papa (CIP), Universidad Nacional San Cristóbal de Huamanga (UNSCH) y Universidad Nacional Agraria La Molina (UNALM). En general, estas colecciones han sido caracterizadas bajo diferentes criterios, utilizando en cada institución descriptores propios, bajo ambientes y condiciones distintas. Esto hace difícil comparar la diversidad genética mantenida en dichas colecciones, ya que éstas sólo representan la diversidad de zonas específicas. Se desconoce la redundancia de morfotipos entre colecciones y el número de duplicados de accesiones entre bancos.

El presente trabajo se realizó como parte del proyecto “Homologación de Raíces y Tuberosas Andinas”, en el cual las seis instituciones proporcionaron una copia de su germoplasma de yacón para obtener un estimado más representativo de la diversidad genética conservada *ex situ* en el Perú. Se utilizaran 17 descriptores morfológicos y 6 combinaciones de iniciadores AFLP. Se buscó determinar los genotipos duplicados, dentro y entre las colecciones de germoplasma, determinar la diversidad genética entre regiones y departamentos, comparar la composición genética de la colección total de yacón dentro y entre las regiones geográficas que la conforman, evaluar la eficiencia de los descriptores morfológicos de yacón, determinar el grado de correlación que existe entre los datos obtenidos de la caracterización morfológica y molecular.

II. REVISIÓN DE LITERATURA

2.1 El Cultivo de Yacón

El yacón, *Smallanthus sonchifolius* (Poepp. & Endl.) H. Robinson, pertenece a la familia Astereaceae; también se le conoce como *Polymnia sonchifolia* Poepp. & Endl. y *Polymnia edulis* Wedd. El género *Smallanthus* comprende 21 especies, de las cuales 7 han sido encontradas en el Perú, siendo el yacón la única especie domesticada, cultivada y comestible.

El yacón es una planta herbácea perenne, mide 1 a 2.5 m de altura; consta de un tallo principal ramificado desde la base; otras veces, sólo con ramas pequeñas en la parte superior. Si la planta proviene de propágulo o semilla vegetativa, consta de varios tallos (Figura 2). Las raíces reservantes son engrosadas, fusiformes u ovadas, de color blanco, crema o púrpura. La forma y tamaño de las raíces reservantes puede ser influenciado por el tipo de suelo, localidad y variedad, entre otros factores (Seminario et al., 2003 y Grau & Rea, 1997).

2.2 Distribución Geográfica y Migración a otros Continentes

El yacón crece desde los Andes de Venezuela y Colombia hasta el noreste de Argentina, aunque en los últimos años no se tiene ninguna información de su cultivo en los dos primeros países; En el Perú se cultiva en 18 de los 24 departamentos, los lugares de producción que más destacan son: Cajamarca, Puno, Huánuco, Ancash y Junín (Seminario et al., 2003). El probable centro de origen y domesticación se encuentra en una estrecha franja ubicada en el sur de Perú y el norte de Bolivia (Grau A. y Rea J. 1997).

En la década del 1960 el yacón migró por primera vez de Ecuador hacia Nueva Zelanda, donde tuvo una buena adaptación, y en 1985 pasó a Japón, la cual se considera la migración más importante del yacón. Actualmente se encuentran en muchos países como Republica Checa, China, Corea, Estados Unidos, Paraguay, Taiwan y

Brasil (Grau & Rea, 1997).

2.3 Número Cromosómico

Según Talledo y Escobar (1996) el yacón es un tetraploide, y Grau y Slains (1996) sugieren que el yacón es posiblemente un alotetraploide con *S. macroscyphus* o *S. riparius* como uno de los padres putativos. Los estudios de Ishiki et al. en 1997 son consistentes con la teoría de la aloploidia del yacón, sugiriendo que el cariotipo del yacón está compuesto de dos genomas (Figura 3); además proponen un octoploide 6A+2B como estructura dominante en la mayoría de clones de yacón $2n=58$, mientras que para explicar los clones $2n=87$ se propone un dodecaploide 9A+3B.

Los estudios de Salgado (1996) y de Ishiki et al. (1997) son los más detallados y comprensibles hasta la fecha, aunque es necesario validar los diferentes conteos cromosómicos. El yacón como cultivo clonal puede exhibir una considerable diversidad en el número cromosómico. Además otro aspecto a ser considerado es la presencia de cromosomas B, reportado en otras taxas de *Smallanthus*, lo cual podría ser un factor muy importante que afecte los resultados (Ishiki et al., 1997).

2.4 Importancia del Cultivo de Yacón

El yacón es una de las raíces reservantes comestibles con mayor contenido de agua (70-93%); los carbohidratos constituyen el 90% del peso seco de las raíces recién cosechadas, de los cuales entre el 50 y 70% son fructooligosacaridos (FOS). El interés y potencial del yacón como cultivo está basado en las evidencias científicas que sustentan a la raíz del yacón como fibra dietética y al FOS como prebiótico, incidiendo favorablemente en la salud humana, principalmente a nivel gastrointestinal (Seminario et al. 2003). Se ha reportado que estos compuestos generan efectos benéficos en la salud y desempeñan importantes funciones en la prevención de algunas enfermedades (Genta et al 2009). También se reporta que ayuda con los problemas de obesidad (Valentová et al 2004), y otro de sus usos es en forma de infusiones medicinales de las hojas secas de yacón atribuyéndose actividad antidiabética (Kakihara et al. 1996) e hipoglicémica (Volpato et al.1997).



Fuente: Mapa elaborado por el Ing. Franklin Plasencia (Unidad de GIS-CIP)

Figura 1: Distribución de las accesiones de yacón de los 6 bancos de germoplasma utilizados en este estudio.

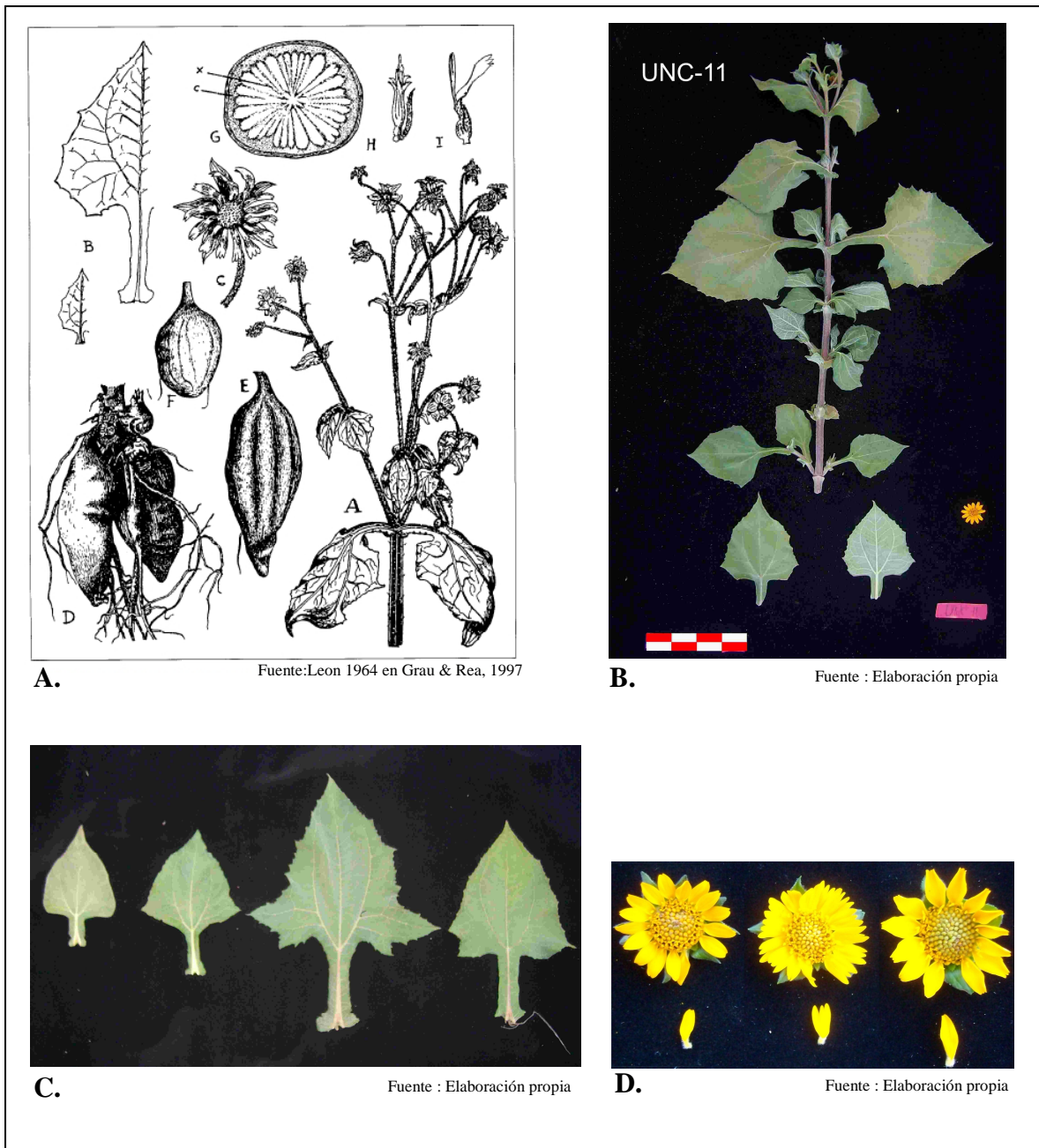
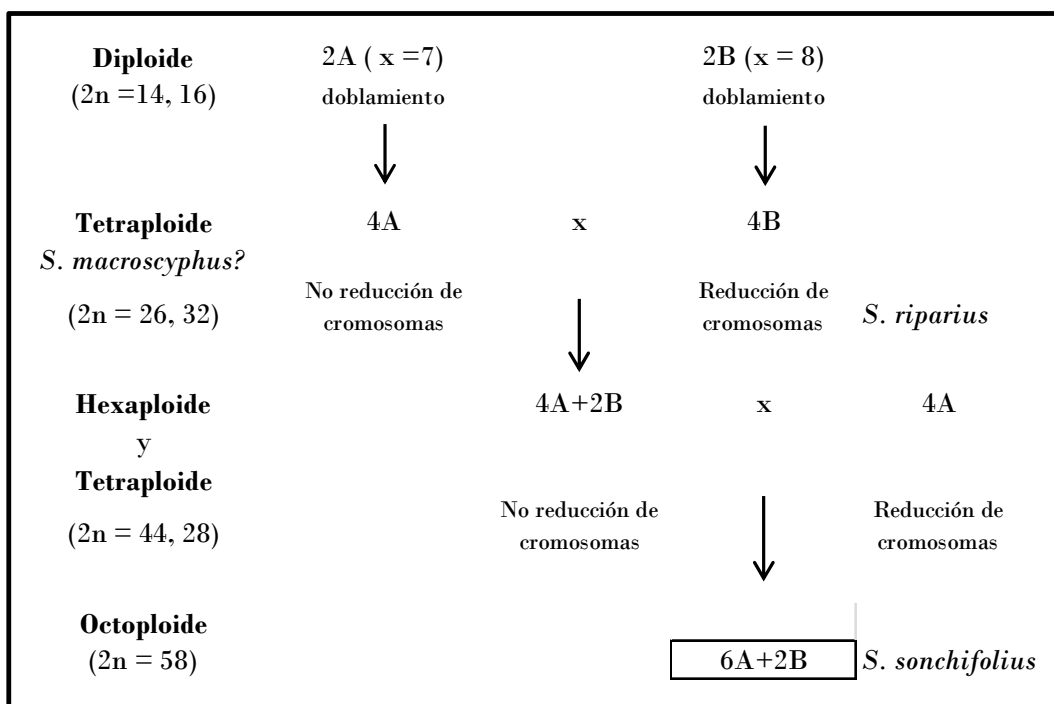


Figura 2: A. Características morfológicas del yacón (*Smallanthus sonchifolius*). B. Morfotipo presente en la zona norte del Perú. C. Tipos de la lámina de la hoja. D. Tipos de inflorescencia, color y forma de la flor ligulada.



Fuente: Grau y Rea, 1997

Figura 3: Hipótesis sobre la evolución del yacón según Ishiki et al. 1997.

2.5. Variabilidad y Diversidad Genética

Seminario et al. (2004) identificaron 8 morfotipos en la colección de la Universidad Nacional de Cajamarca (UNC) conformada por 108 accesiones. El 95 % de esta colección corresponde a Departamentos del norte del Perú, dos morfotipos tienden a distribuirse en todo el país, mientras que los 6 restantes se encuentran sólo en la zona norte.

Sotomayor (2004) reportó 12 morfotipos para la colección del INIA, representados en 3 grupos morfológicos: el primer grupo conformado por 2 subgrupos, el segundo por 3 subgrupos y el tercero por 7 subgrupos. Este trabajo fue la consolidación de tres campañas de caracterización de 108 accesiones de yacón colectadas en cinco Departamentos del norte del Perú. En la región sur, Meza (1995) identificó 5 morfotipos en el germoplasma de CICA (Centro de Investigación en Cultivos Andinos) y del CRIBA (Centro Regional de Investigación en Biodiversidad Andina) procedentes de Cuzco, Apurímac y Puno. En Ecuador se han identificado 4 morfotipos (Morillo et. al., 2002) y en Bolivia, según información de Grau y Rea se deduce que existen 4 morfotipos pero no se descarta la existencia de más morfotipos en ese país (Grau & Rea, 1997 y Rea, 1998).

2.6. Marcadores Moleculares

Tello (2002) reportó una gran variabilidad en una colección de 31 accesiones de yacón provenientes de Huánuco. Identificando, mediante descriptores morfológicos, que las 31 accesiones eran diferentes, pero a un nivel de similitud de 0.52 formaban 19 grupos morfológicos. A nivel molecular, utilizando 12 marcadores RAPD, identificó 26 grupos a un índice de similitud de 78%. Milella et al. (2005) después de probar el uso de RAPDs con cinco clones de yacón, sugirieron que la técnica podría ser útil para la identificación y diferenciación de variedades. Mansilla et al (2006) utilizaron marcadores RAPD en la colección que mantiene el CIP, reportando mayor diversidad genética en el centro del Perú en comparación con el norte y sur.

Estos trabajos contribuyen poco a dimensionar la diversidad genética total del yacón en el Perú, debido al bajo número de accesiones utilizadas y a la dificultad de poder comparar los marcadores RAPD entre investigaciones, lo que complica su análisis.

La técnica de marcadores moleculares AFLP confiere una mayor eficiencia para los estudios de diversidad genética, en comparación con otras técnicas moleculares como los RAPD, debido a que genera un gran número de polimorfismos, y su capacidad para diferenciar individuos en una población hace que la técnica sea útil en estudios de diversidad genética, y también para el registro de variedades vegetales. Otras ventajosas de la técnica AFLP son: i) no se requiere información previa de las secuencias del genoma y ii) el uso de la técnica de PCR, aplicada a los AFLPs, es rápida y reproducible (Ferreira y Grattapaglia, 1998).

2.7. Métodos para la Caracterización y el Análisis de Diversidad Genética

2.7.1. Índices de similitud

Se usa para comparar materiales cuyas características son evaluadas en una escala nominal, o binomial (doble estado: presencia o ausencia). A partir de la matriz básica de datos se calcula los coeficientes, y con ello, se construye una matriz de similitud (Crisci et al, 1983; Hair et al, 1992). Sus valores varían entre cero y uno, siendo el valor cero el de máxima similitud, y el valor uno, el mínimo. Entre los índices más usados están: Simple Matching (Sokal and Sneath, 1963), Jaccard (Jaccard, 1908), Dice (Dice, 1945); Nei & Li (1979), Gower (Gower, 1971), entre otros.

a. Índice de similaridad Jaccard

El Índice de similaridad Jaccard (Jaccard, 1908) considera la similaridad entre dos unidades operativas taxonómicas (OTU) como el número de atributos compartidos dividido por el número total de atributos presentes en cualquiera de ellos. El índice de Jaccard se puede expresar de la siguiente manera:

$$J = C / A + B - C$$

Donde A es el número de atributos presentes en el OTU “a”, B es el número de atributos presentes en el OTU “b”, y C es el número de los atributos presentes en ambos OTUs. El número de atributos presentes en cualquiera de los OTUs (N) está dada por A + B-C.

b. Índice de Gower

Según Kauffman (1990), el coeficiente de similaridad de Gower (1971) puede ser expresado como una distancia euclidiana. Las distancias pueden ser calculadas a partir de variables binarias pudiendo ser simétricas (de igual importancia o peso) o asimétricas (de diferente importancia o binarias), nominales, ordinales, numéricas, o una combinación de éstas. Cuando se tiene datos mixtos, el acercamiento más conveniente es combinar las diferentes variables, en una sola matriz, procesándolos juntos en un único análisis de agrupamiento, reduciendo todo a variables binarias.

2.7.2. Análisis de Conglomerados

Se aplica sobre una matriz de distancias. Se utiliza el agrupamiento jerárquico que se caracteriza por sucesivas funciones para formar los grupos. El procedimiento parte de la existencia inicial de un conglomerado para cada entrada o sub población, que, por aproximaciones sucesivas, se van uniendo a otras en grupos hasta formar un conglomerado único, que incluye a todas. Los resultados se presentan en un fenograma o dendrograma dependiendo del tipo de datos (López e Hidalgo, 1994).

La rigidez de los métodos jerárquicos es la clave de su éxito (requieren poco tiempo de cálculo) y a la vez, su mayor desventaja (inhabilidad de corregir acciones erróneas), pero tienen mucha utilidad en la biología para la clasificación de plantas y

animales. Se han desarrollado muchos métodos jerárquicos utilizados particularmente en el campo de la taxonomía numérica (Kauffman y Rosseeuw, 1990).

a. Método de agrupamiento UPGMA

El método UPGMA (Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean) desarrollado por Sokal y Sneath (1963); Sneath y Sokal (1973) es un método típico fenético y es el más simple usado en taxonomía numérica ya que emplea algoritmo de agrupamiento secuencial, en el que las relaciones topológicas se identifican en orden de similitud, y el árbol dicotómico o fenograma se construye paso a paso. El agrupamiento de accesiones se realiza de acuerdo con el grado de similitud entre OTUs; los OTUs más similares entre si se tratan como un nuevo OTU simple, y así subsiguientemente hasta quedar finalmente con sólo 2 OTUs (Li y Graur, 1991).

b. Método de Neighbor-Joining

Saitou y Nei (1987) desarrollaron un método de agrupamiento más sofisticado llamado neighbor-joining. Este algoritmo produce árboles aditivos y no asume rangos evolucionarios idénticos a través de todas las ramas, más recientemente usados para arboles basados en datos de ADN o secuencias de proteínas. El método de neighbor-joining está basado en el criterio de mínima evolución, es decir, la topología que da la menor longitud de la rama total es preferida en cada paso del algoritmo. Aunque el método no podría encontrar la verdadera topología del árbol con al menos el total de ramas porque es un algoritmo voraz que construye el árbol de una manera gradual. En este sentido, a pesar de ser un método sub-óptimo, ha sido ampliamente usado y por lo general se encuentra un árbol que está muy cerca del árbol óptimo. La principal virtud de este método con respecto a otros métodos es su eficiencia computacional y puede ser utilizado en grandes conjuntos de datos en los que otros análisis son computacionalmente prohibitivos (por ejemplo, la evolución mínima, máxima parsimonia, máxima verosimilitud). A diferencia del algoritmo UPGMA para la reconstrucción del árbol, el método neighbor-joining no supone que todos los linajes evolucionan al mismo ritmo (hipótesis del reloj molecular) y produce un árbol sin raíces (Atteson, 1997).

2.7.3. Prueba de remuestreo (Boopstrap)

El bootstrapping (o bootstrap) es un método de remuestreo propuesto por Bradley Efron en 1979. Se utiliza para aproximar la distribución en el muestreo de un dato estadístico. Se usa frecuentemente para aproximar el sesgo o la varianza de un estadístico, así como para construir intervalos de confianza o realizar contrastes de hipótesis sobre parámetros de interés. Felsenstein (1985) desarrolló una aplicación no paramétrica del “bootstrap” para evaluar el soporte estadístico de las ramas internas en un árbol o dendrograma. Los datos “bootstrap” se generan por selección aleatoria con reemplazo de los caracteres (marcadores) a partir de los datos originales para generar matrices de datos pseudo-replicadas del mismo tamaño de la matriz original. Este proceso se repite por un gran número de veces, de 50 a 100, pueden dar resultados útiles, y se evalúan las proporciones de concordancia de la topología con el árbol original (Efron et al., 1996; Alfaro et al., 2003). Hillis y Bull (1993) determinaron que las ramas que tienen un “bootstrap” mayor a 70% tienen una probabilidad de 95 % de ser correctas, un valor mayor a 50% también es considerado un buen indicador estadístico de soporte de topología de una rama (Highton, 1993).

2.7.4. Coeficiente de Correlación cofenético (r)

Es la medida de distorsión de un fenograma con respecto a su matriz de similitud. Este coeficiente mide el grado de ajuste entre la matriz cofenética que representa el fenograma y la matriz de distancia que lo originó, de acuerdo al método de agrupamiento utilizado (Rohlf, 1994). De acuerdo con Rohlf (2001), los rangos de confianza de la correlación cofenética (r) son:

Rango	Interpretación
$0.9 \leq r$	Muy buen ajuste
$0.8 \leq r < 0.9$	Buen ajuste
$0.7 \leq r < 0.8$	Pobre ajuste
$r < 0.7$	Muy pobre ajuste

2.7.5. Métodos Multivariados

a. Análisis factorial de Coordenadas Principales (ACoP)

Se parte de una matriz de distancias y se busca una configuración Y , en un espacio euclídeo en el que las distancias entre los puntos sean las contenidas en la matriz. Este tipo de técnicas permiten la representación euclídea en una dimensión reducida de espacios abstractos en los que la medida de la similitud o de la disimilitud no tiene una interpretación física concreta (Lopez e Hidalgo, 1994).

b. Análisis de Correspondencias (AC)

El Análisis de Correspondencias es una técnica de reducción de dimensión y elaboración de mapas porcentuales. Los mapas porcentuales se basan en la asociación entre objetos y un conjunto de características descriptivas o atributos especificados por el investigador. Su aplicación es muy directa y su beneficio es la capacidad para representar filas y columnas en un mismo espacio. En este sentido la finalidad será determinar la posición de una serie de objetos según una serie de características a través de un espacio vectorial en dos, tres o más dimensiones. En su forma básica, el Análisis de Correspondencias examina las relaciones entre categorías de datos nominales mediante la medida de asociación del chi-cuadrado. Este análisis realiza una reducción de la dimensión del problema en donde la proximidad, en sentido matemático, entre los individuos indicará el nivel de asociación (Greenacre, 2008).

c. Test de Mantel

El test de Mantel (Mantel, 1967) evalúa las correlaciones entre matrices de distancia, de similaridad o de correlaciones por la correlación de Pearson (r) y el rango de r va de -1 a 1, donde la máxima correlación esta dada por la mayor proximidad al valor absoluto de 1.

$$Z = \sum_{i=1}^{n-1} \sum_{j=i+1}^n x_{ij} y_{ij}$$

La prueba de Mantel (Mantel 1967; Mantel y Valand 1970) es una prueba estadística extremadamente versátil que tiene muchos usos, incluyendo el análisis espacial. La prueba de Mantel examina la relación entre dos matrices cuadradas (a menudo matrices de distancia) X y Y. Los valores dentro de cada matriz (X_{ij} o ij) representan una relación entre los puntos i y j . La relación representada por una matriz puede ser una distancia geográfica, una distancia de datos, un ángulo, una matriz binaria, o casi cualquier otro dato imaginable. A menudo, una matriz es una matriz binaria que representa una hipótesis de las relaciones entre los puntos o algún otro tipo de relación (por ejemplo, X_{ij} puede ser igual a 1 si los puntos i y j son del mismo país, y 0 si no lo son). Por definición, las diagonales de ambas matrices están siempre llenos de ceros.

2.7.6. Índices de Diversidad genética

a. Diversidad genética de Nei (D)

El índice de diversidad genética desarrollado por Nei (1973), es la probabilidad de que, en un locus único, cualquier par de alelos, escogidos al azar de la población, sean diferentes entre sí. La Diversidad genética promedio de todos los loci es una estimación del grado de variabilidad genética en la población, se calcula al restar de 1 las frecuencias esperadas de homocigotos en un locus. La operación se repite para todos los loci y luego se saca el promedio. Puede aplicarse para todos los marcadores, ya sean codominantes o dominantes y su valor para el caso de marcadores dominantes varía de 0 a 0.5. A mayor valor del índice, mayor diversidad.

b. Índice de diversidad de Shannon-Weaver

El índice de Shannon-Weaver (Shannon, 1949; Weaver, 1963) se basa en la teoría de la información y por tanto en la probabilidad de encontrar un determinado individuo en un ecosistema. El valor máximo suele estar cerca de 5, pero hay ecosistemas excepcionalmente ricos que pueden superarlo. A mayor valor del índice, mayor biodiversidad del ecosistema. Se calcula de la siguiente forma:

$$H = -\sum_{i=1}^s p_i \cdot \log_2(p_i) \quad p_i = \frac{n_i}{N}$$

Donde:

n_i = número de individuos en el sistema de la especie determinada i

N = número total de individuos

S = número total de especies

2.7.7. Análisis de Varianza molecular – AMOVA

El análisis de varianza molecular (AMOVA) se utiliza a menudo con datos de marcadores moleculares dominantes. Funciona con las distancias entre individuos y se calcula la variación entre y dentro de los grupos predefinidos y permite poner a prueba diferentes estructuras genéticas particulares. Originalmente, el cuadrado de las distancias euclidianas era preferido, pero se obtuvieron resultados muy similares como por ejemplo, el coeficiente de similitud de Jaccard. Los componentes de la varianza pueden ser calculados para cada nivel jerárquico. El AMOVA ha demostrado ser muy útil para la partición de la variación en especies silvestres y de los grupos de variedades procedentes de diferentes regiones (Excoffier et al., 1992).

III. MATERIALES Y MÉTODOS

3.1. Material Vegetal

Un total de 359 accesiones fueron analizadas (Cuadro 1) con 6 combinaciones de iniciadores AFLP. Para la caracterización morfológica de la campaña del 2008 se evaluaron 223 accesiones, debido a que algunas accesiones no sobrevivieron a las nuevas condiciones de campo y solo se evaluaron los 7 morfotipos identificados de la colección de la Universidad Nacional de Cajamarca. Para la campaña del 2009 se evaluaron 214 accesiones, debido a que algunas accesiones no sobrevivieron a la campaña anterior. Para los análisis conjuntos de los datos morfológicos y moleculares se utilizaron 211 accesiones que presentaban ambos datos.

Cuadro 1: Número de accesiones evaluadas de cada institución.

Instituciones		N° de accesiones
Instituto Nacional de Innovación Agraria	INIA	123
Universidad Nacional de Cajamarca	UNC	103
Universidad Nacional San Antonio Abad de Cusco	UNSAAC	62
Centro Internacional de la Papa	CIP	48
Universidad Nacional San Cristóbal de Huamanga	UNSCH	13
Universidad Nacional Agraria La Molina	UNALM	10
Total		359

Fuente: Elaboración propia

3.2. Extracción de ADN

La extracción del ADN total se realizó a partir de hojas jóvenes usando el protocolo de extracción de mediana escala (Doyle y Doyle, 1990) usado por el CIP (1997). La concentración de ADN fue calculada por comparaciones con concentraciones conocidas de fragmentos digeridos de ADN del fago Lambda usando la enzima de restricción *Pst* I, y visualizados en un gel de agarosa al 1%. Todos los procesos de extracción fueron realizados en los laboratorios del CIP-Lima.

3.3. Análisis Molecular AFLP

Los protocolos de AFLP se basan en Vos et al. (1995), adaptados para usar tinción con plata. Los protocolos de digestión, ligación, preamplificación y electroforesis son los reportados en el Manual del CIP. (CIP, 1997). Los detalles de la mezcla de PCR y programas de amplificación se encuentran en el ANEXO 2.

3.4. Caracterización Morfológica

Se evaluaron las accesiones de yacón mediante los descriptores morfológicos (ANEXO 3) para planta, hoja y raíz desarrollados por Arbizu et. al. (2001). Las colecciones de yacón fueron evaluadas en la campaña agrícola del 2007-2008 y 2008-2009 en la localidad de Cochamarca (Estación Experimental de Baños del Inca del INIA), ubicado al sur este de Cajamarca a una distancia de 45 Km., a la margen izquierda de la carretera que conduce hacia las provincias de San Marcos y Cajabamba. Políticamente pertenece al Distrito de Pedro Gálvez, provincia de San Marcos, departamento de Cajamarca, a una latitud sur de 07°16' 15" y longitud oeste de 78°14' 01", altitud de 2,820 m.s.n.m. Presenta una zona de vida natural bosque seco Montaña Bajo Tropical (bs – MBT), con una precipitación anual promedio de 700 mm, temperatura promedio de 14° C, presencia de heladas con descensos de temperatura de hasta -2° C. Se sembraron 6 clones por accesión en una siembra sistemática. Los descriptores asociados a colores fueron evaluados usando la tabla de colores de la Sociedad Real de Horticultura (Royal Horticultural Society, 1986).

3.5. Análisis de Resultados

El patrón de bandas AFLP para cada accesión fue registrado manualmente en una matriz binaria en una hoja de Excel. Las bandas presentes se registraron como 1 y las ausentes como 0. Para identificar las relaciones de similitud entre las accesiones evaluadas se realizó un análisis de agrupamiento basado en el índice de similaridad Jaccard (Jaccard, 1908) y el método de Neighbor-Joining (Saitou y Nei, 1987), con una prueba de remuestreo (bootstrap). La estructura genética fue estimada mediante un análisis factorial (ACoP), todo esto, usando el software libre DARwin5 ver 5.0.158 (Perrier y Jacquemoud-Collet, 2006). Las variaciones de la diversidad genética entre las

regiones de procedencia fueron evaluadas por el Análisis de Varianza Molecular-AMOVA (Excoffier et al., 1992) usando el software ARLEQUIN (Schneider et al., 1997).

La caracterización morfológica para cada año fue registrada en una matriz multiestado en una hoja de Excel. La identificación de morfotipos fue estimada usando el coeficiente de distancia taxonómica promedio y el método de agrupamiento UPGMA mediante el software NTSYSpc ver 2.1. Se define como un morfotipo a todos los clones que presenten el 100% de similitud en los caracteres morfológicos evaluados (Sevilla y Holle, 2004). Mediante el uso del análisis de correspondencias múltiples se evaluó la eficiencia de los 17 descriptores para diferenciar la población evaluada en cada año. Se evaluó y comparó la diversidad genética mantenida en los bancos de germoplasma de las 2 campañas y de los marcadores moleculares AFLP, mediante el índice de diversidad de Shannon y Weaver(1949) obtenidas por el software R statistic.

Se realizó la correlación entre los agrupamientos obtenidos de la caracterización morfológica del 2009, 2008 y los marcadores moleculares AFLP, basándose en los valores cofenéticos de sus respectivos dendrogramas, mediante el test de Mantel (Mantel, 1967) usando el software NTSYSpc ver 2.1, para evaluar el grado de correlación entre los datos morfológicos y moleculares.

Se realizó un dendrograma integrando los datos moleculares y los datos de caracterización morfológica del año con mejor correspondencia, este análisis se realizó mediante el software R statistic mediante el índice de Gower (Gower,1971).

IV. RESULTADOS Y DISCUSIÓN

4.1. Resultados

4.1.1. Caracterización molecular

a. Selección de las mejores combinaciones de iniciadores AFLP.

Las combinaciones de iniciadores AFLPs fueron seleccionadas de una prueba de 120 combinaciones de iniciadores con 3 pares de bases selectivos (+3). Se eligieron 6 combinaciones de iniciadores por presentar el mayor polimorfismo y una buena resolución de las bandas (Cuadro 2).

Cuadro 2: Combinaciones de iniciadores AFLPs (Eco+3/Mse+3) usados en la caracterización molecular del yacón

Cod. Lab	Iniciadores selectivos	
	(Eco+3/Mse+3)	Secuencia (5'-3')
E40-M36	E-AGC	GACTGCGTACCAATTC- AGC
	M-ACC	GATGAGTCCTGAGTAA- ACC
E38-M33	E-ACT	GACTGCGTACCAATTC- ACT
	M-AAG	GATGAGTCCTGACTAA- AAG
E39-M36	E-AGA	GACTGCGTACCAATTC- AGA
	M-ACC	GATGAGTCCTGAGTAA- ACC
E42-M35	E-AGT	GACTGCGTACCAATTC- AGT
	M-ACA	GATGAGTCCTGACTAA- ACA
E36-M55	E-ACC	GACTGCGTACCAATTC- ACC
	M-CGA	GATGAGTCCTGAGTAA- CGA
E37-M60	E-ACG	GACTGCGTACCAATTC- ACG
	M-CTC	GATGAGTCCTGAGTAA- CTC

Fuente: Elaboración propia

b. Evaluación molecular de las colecciones de yacón

De las 359 accesiones de yacón evaluadas con un total de 309 marcadores AFLP polimórficos, se identificaron 352 accesiones genéticamente diferentes entre sí (genotipos únicos) aunque la mayoría comparte una similaridad genética estrecha. Las accesiones restantes se presentan en 3 grupos de accesiones genéticamente idénticos (duplicados);

dos de los grupos pertenecen a la colección de UNSAAC y el tercer grupo, formado por 2 accesiones, que provienen de la colección que mantiene el CIP (Cuadro 3).

Cuadro 3: Grupos duplicados y las accesiones que lo conforman.

Grupo	Nombre acc.	Colección	Procedencia
1	ZS-Y-024	UNSAAC	Cusco
	ZS-Y-050	UNSAAC	Cusco
	ZS-Y-074	UNSAAC	Cusco
2	ZS-Y-072	UNSAAC	Cusco
	ZS-Y-067	UNSAAC	Cusco
3	DPA-007-004	CIP	Huánuco
	ARB-5537	CIP	Junín

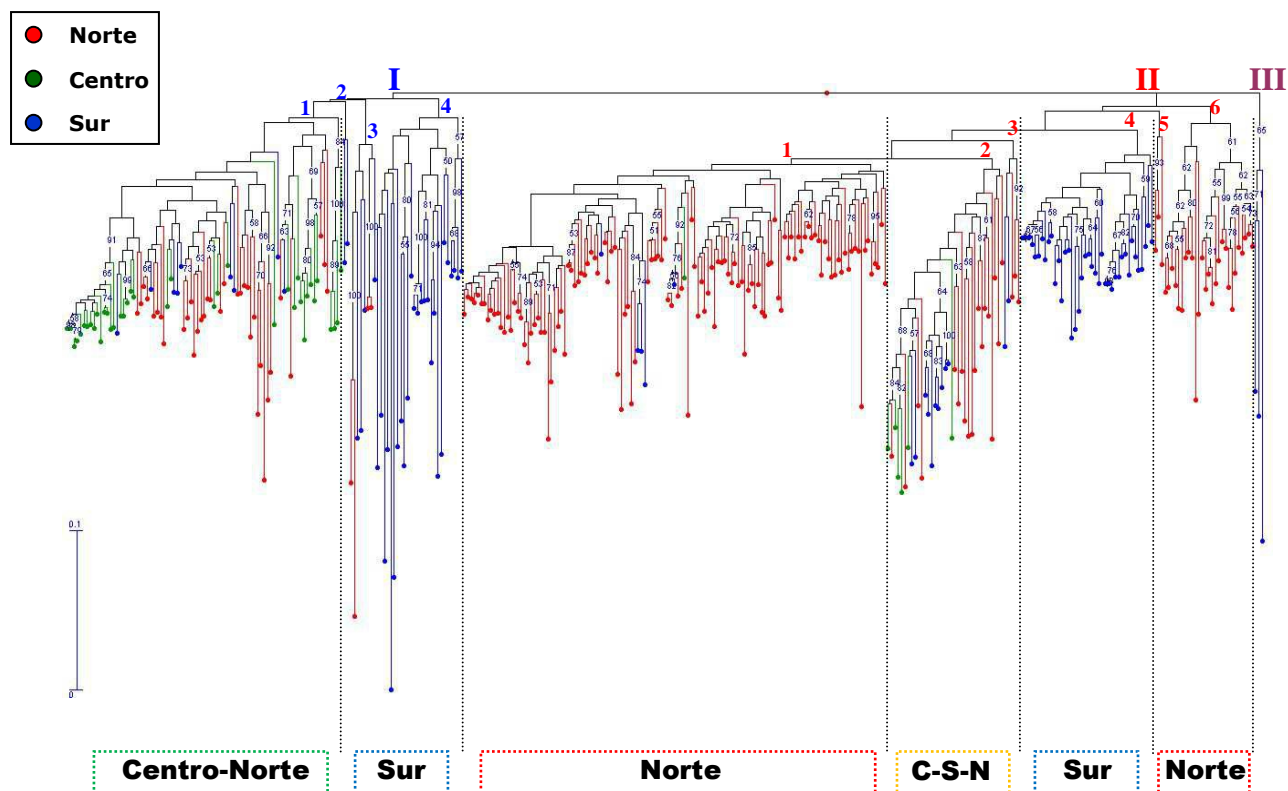
Fuente: Elaboración propia

c. Análisis de agrupamiento y patrón de distribución geográfica

Del análisis de agrupamiento se identificaron 3 grupos bien definidos (Figura 4), el grupo I formado por 4 subgrupos: el primero presenta con mayor frecuencia accesiones del norte y centro, y los 3 restantes presentan una gran frecuencia de accesiones del sur. El grupo II presentó 6 subgrupos: 4 de ellos están conformados principalmente por accesiones del norte, un subgrupo completamente formado por accesiones del sur y el último presenta accesiones de las tres regiones del Perú, con una mejor relación genética entre las accesiones del centro y sur. El grupo III es el más distante y está formado por 3 accesiones de Cusco; según comunicación personal del curador del banco de UNSAAC (Lizarraga, 2008) se tratarían posiblemente de especies silvestres relacionadas.

Ubicando los grupos genéticos identificados en el punto geográfico donde fueron colectados, podemos observar que existen ciertos grupos con mayor frecuencia a la zona norte o sur y principalmente 3 grupos (II1, II2 y II3) con una gran distribución en toda la región andina del Perú. (Figura 5).

El análisis factorial de Coordenadas Principales (ACoP) muestra la presencia de tres grupos: 2 grupos formados por accesiones del norte y sur respectivamente, y un grupo formado por accesiones de las tres regiones (un grupo de amplia distribución). Aunque estos tres grupos son distinguibles, presentan una ligera sobreposición, lo que indicaría que las diferencias no son muy marcadas (Figura 6).

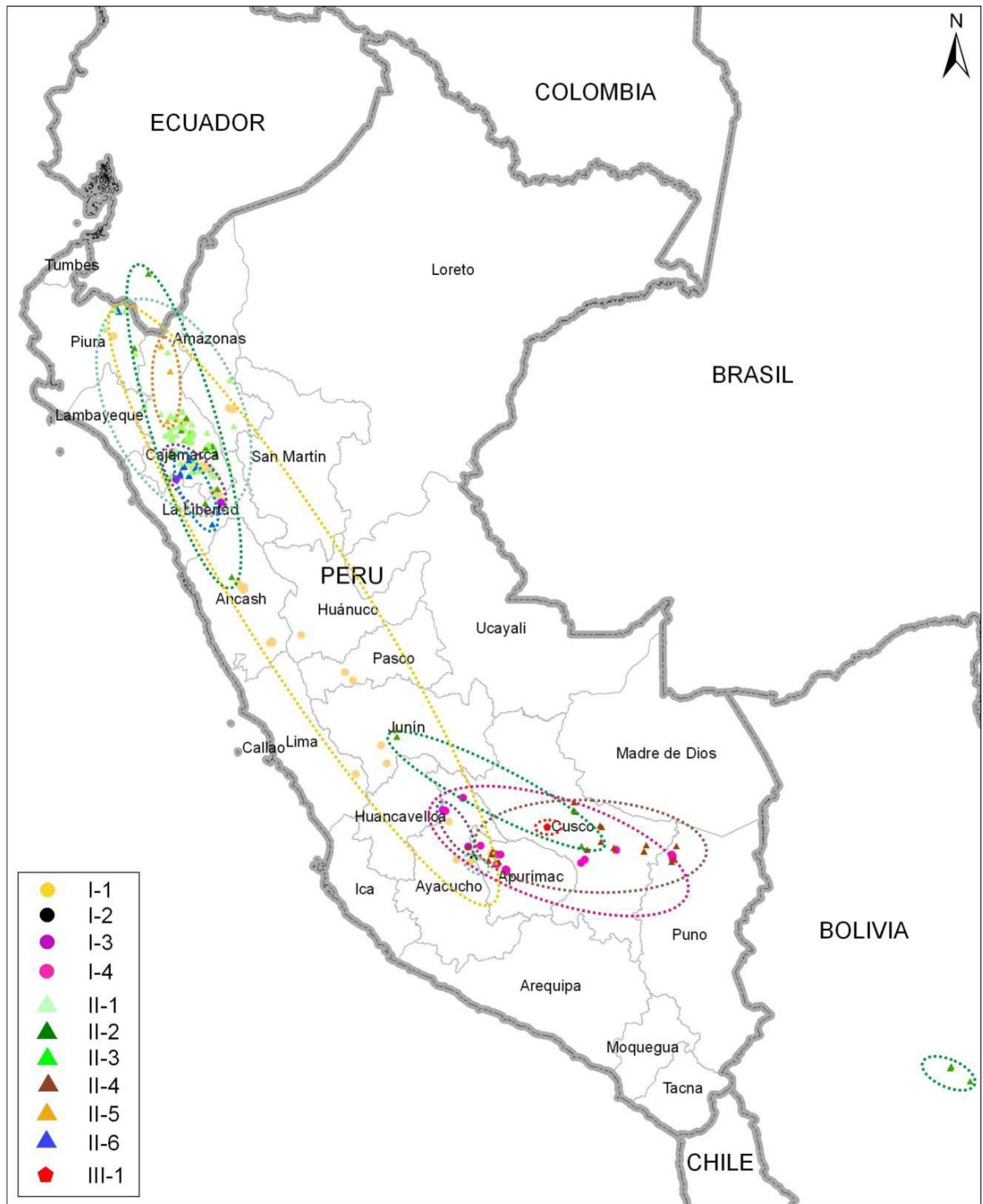


Fuente: Elaboración propia

Figura 4: Dendrograma formado por las 359 accesiones de la colección total de yacón de los 6 bancos de germoplasma usando marcadores AFLP.

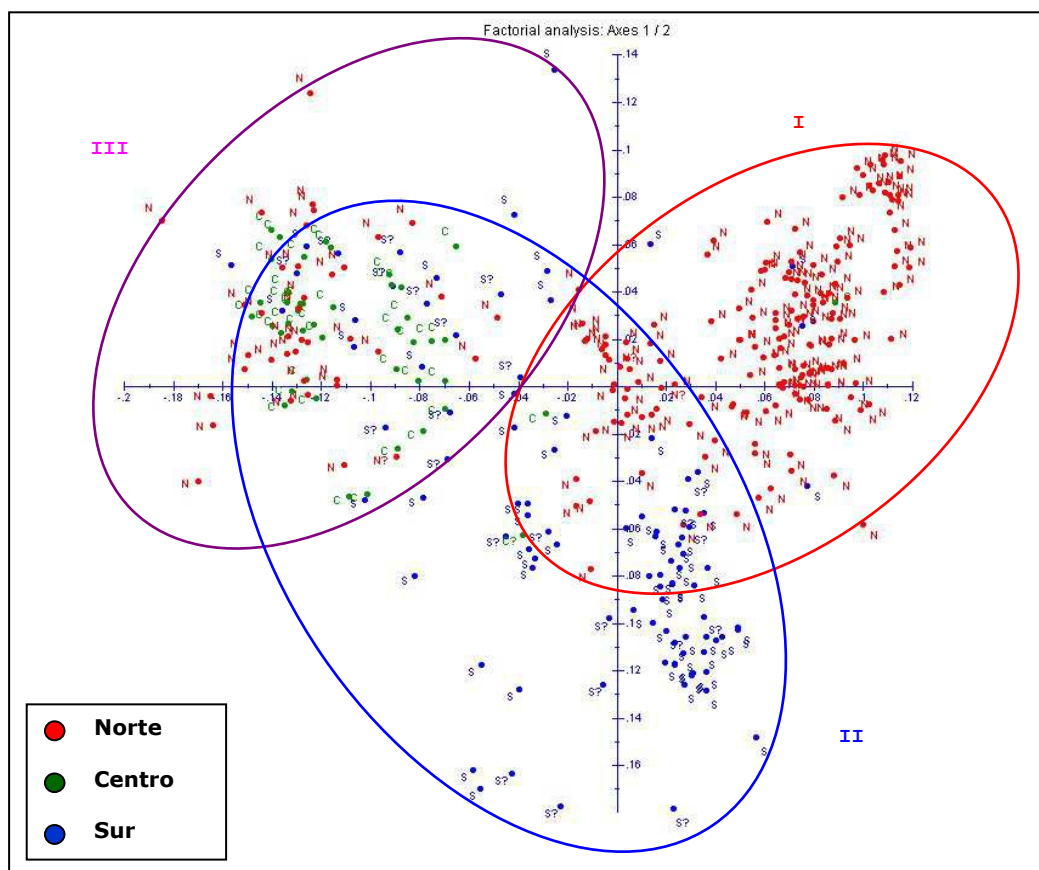
d. Riqueza genética

La colección de yacón presenta 37 bandas que sólo se encuentran en una colección y no en otra (bandas exclusivas). Estas secuencias genómicas anónimas nos sirven para evaluar el grado de diferenciación de una colección con respecto a las otras, dando un valor único a la colección que lo presente, ya que la presencia de estas bandas podría significar la expresión de ciertas características que se encuentran de manera exclusiva en una colección o región. La colección del banco de UNSAAC, es decir la zona sur, presenta el mayor número de bandas exclusivas y para un total de 309 bandas identificadas, 192 (62%) son compartidas entre todos los bancos (Cuadro 4).



Fuente: Mapa elaborado por el Ing. Franklin Plasencia (Unidad de GIS-CIP)

Figura 5: Distribución geográfica de los grupos genéticos identificados según el análisis de agrupamiento molecular AFLP.



Fuente: Elaboración propia

Figura 6: Análisis de Coordenadas Principales. Grupo I: Accesiones del norte, Grupo II: Accesiones del sur, Grupo III: Accesiones procedentes de las tres regiones.

Cuadro 4: Número de bandas presentes, exclusivas y compartidas.

Colección	N° acc.	N° Total de bandas	N° de bandas exclusivas	N° de bandas compartidas
UNSAAC	62	253	15	192
INIA	123	249	7	
UNC	103	232	5	
UNALM	10	207	4	
CIP	48	220	3	
UNSCH	13	220	3	

Fuente: Elaboración propia

e. Diversidad genética de Nei (D)

Según los datos moleculares AFLP, la diversidad genética promedio de toda la colección de yacón es de 0.13. La diversidad entre bancos es muy similar y el valor más alto lo presenta el banco de UNSCH seguido por el banco de UNSAAC (Cuadro 5), ambos conformados por accesiones del sur.

Cuadro 5: Diversidad genética de la colección total de yacón (359 accesiones) según el índices de Nei.

Colección	N° accesiones	Índice de Nei
UNSCH	13	0.17
UNSAAC	62	0.15
CIP	48	0.14
UNALM	10	0.14
INIA	123	0.13
UNC	103	0.13
Total	359	0.13

Fuente: Elaboración propia

f. Análisis de Varianza Molecular – AMOVA

Se realizó el AMOVA con la finalidad de evaluar si existían diferencias en la diversidad genética presente entre las zonas norte, centro y sur del Perú y los Departamentos que conforman cada región. Se encontró diferencias significativas en la heterogeneidad genética de las tres regiones evaluadas y entre los Departamentos, aunque los porcentajes de variación son muy bajos. Además el índice de fijación indica una baja variabilidad genética principalmente entre Departamentos (Cuadro 6). De la comparación de distancias genéticas en pares entre los Departamentos, observamos que la región norte presenta muy poca variación significativa entre los departamentos que lo conforman (Cuadro 7).

Cuadro 6: Análisis de Varianza Molecular de las seis colecciones de yacón.

Fuentes de Variación	Grados de libertad	Suma de cuadrados	Componentes de variancia	Porcentaje de variación
Entre regiones	2	605.834	1.96946 Va	9.55
Entre Dpt dentro de regiones	12	509.396	1.95284 Vb	9.47
Entre poblaciones	341	5697.916	16.70943 Vc	80.99
Total	355	6813.146	20.63173	

Fixation Indices

FSC : 0.1046

FST : 0.1901

FCT : 0.0955

Fst = 0.05 – 0.15 moderadamente diferenciado

Fst = 0.15 – 0.25 gran diferenciación

Fst = > 0.25 muy grande diferenciación

Fuente: Elaboración propia

Cuadro 7: Comparación de las distancia genéticas entre los Departamentos de procedencia.

Cod	Dept	Norte						Centro				Sur			
		1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14
1	CAJ														
2	AMA	-													
3	LAMB	-	-												
4	LLIB	-	-	-											
5	LOJ	-	-	-	+										
6	PIU	-	-	-	-	+									
7	ANC	+	+	-	+	+	+								
8	LIM	+	+	-	-	-	+	-							
9	HUA	+	+	-	+	+	+	+	+						
10	JUN	+	+	-	+	+	+	+	-	-					
11	AYA	+	+	-	+	-	+	+	-	+	+				
12	APU	+	-	-	+	-	-	+	-	+	+	+			
13	CUS	+	+	-	+	-	+	+	+	+	+	+	+		
14	PUN	+	+	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	-	
15	COCH	+	+	-	+	+	+	+	-	+	+	+	+	+	+

- No significativo + significativo

Fuente: Elaboración propia

4.1.2. Evaluación de la Caracterización Morfológica

En la campaña 2008 se analizaron 223 accesiones usando 15 de los 17 descriptores, ya que el carácter hábito de floración y producción de semilla no fueron evaluados por la poca producción de flores en todas las accesiones. Se realizó el análisis de agrupamiento mediante el índice de distancias y el índice de UPGMA, obteniéndose un dendrograma con 115 morfotipos (Figura 7), siendo la colección del INIA (región norte) la que presentó el mayor número.

En la campaña 2009 se analizaron 214 accesiones (ya que 9 accesiones no sobrevivieron a esta campaña) usando los 17 descriptores. Se identificaron 143 morfotipos siendo también la colección del INIA la que presentó el mayor número de morfotipos (Figura 7). Se pueden identificar 8 grupos morfológicos y agrupados por una ligera relación por su región de procedencia. El grupo más grande y representativo está formado principalmente por las accesiones del norte del Perú de la colección de INIA, y un grupo más pequeño formado por las accesiones del sur de la colección de UNSAAC; las accesiones del centro tienen un mayor agrupamiento con las accesiones del norte.

Las diferencias en el número de accesiones evaluadas entre el 2008 y 2009, y el diferente número de descriptores usados en ambos años, produce una baja asociación entre los agrupamientos formados en los dos años evaluados, así como el diferente número de morfotipos identificados. Aunque se puede apreciar que en ambos años existe una tendencia en el agrupamiento de las accesiones según su procedencia.

a. Evaluación del porcentaje de contribución de los descriptores morfológicos a la variación total

Según el Análisis de Correspondencia Múltiple (ACM) para la caracterización morfológica del 2008, se observa que las 5 primeras dimensiones formadas son significativas y explican un 95.2% de la variación total (Cuadro 8), el análisis de cada dimensión se observa que 12 descriptores se encuentran dentro de la primera dimensión, explicando el 74.6% de la variación total, los caracteres de ramificación de tallos y tendencia a formar hendiduras en la raíz se encuentran en la segunda dimensión, explicando el 7.6% de la variación y el carácter de pigmentación de nervadura sólo explica el 5.5%, presente en la tercera dimensión.

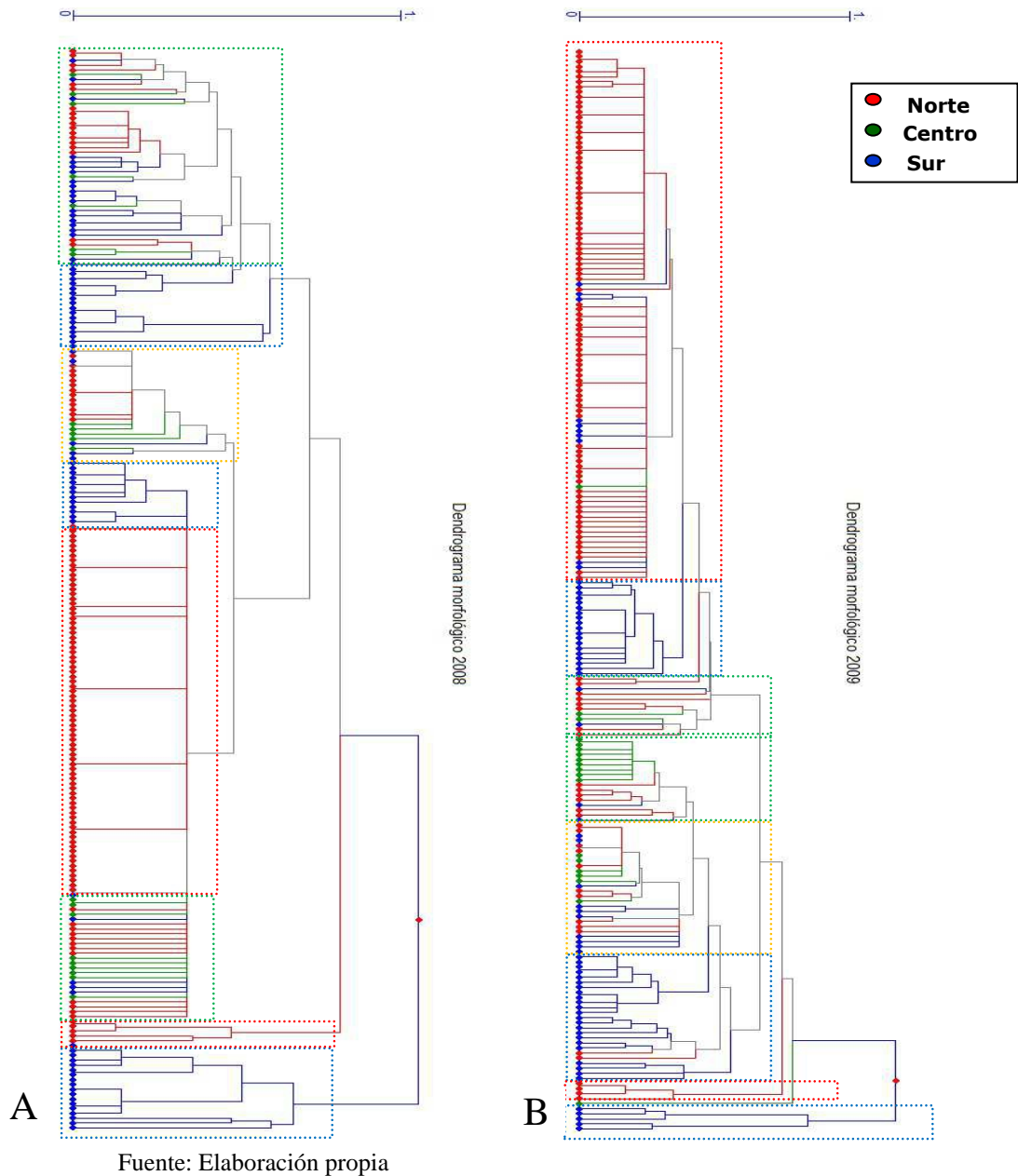


Figura 7: A. Dendrograma formado por 223 accesiones de yacón perteneciente a 6 bancos de germoplasma mediante un análisis de agrupamiento por 15 marcadores morfológicos, analizadas en la campaña 2008. B. Dendrograma formado por 214 accesiones de yacón perteneciente a 6 bancos de germoplasma mediante un análisis de agrupamiento por 17 marcadores morfológicos, analizadas en la campaña 2009.

Para el año 2009, según el ACM también se observa que las 5 primeras dimensiones son significativas y explican el 95.4% de la variación total (Cuadro 9). El análisis de cada dimensión se observa que 13 descriptores se encuentran en la primera dimensión, explicando el 79.9% de la variación total, siendo relegados a la segunda dimensión, con una respuesta de la variación del 7.6%, los descriptores de color de tallo y tendencia a formar hendiduras en la raíz, a la tercera dimensión (que explica el 3%) el hábito de floración y a la cuarta dimensión el descriptor de pigmentación nervadura con un aporte del 2.9%. Los descriptores correspondientes a las características de la flor son los que presentaron los valores más altos de discriminación en ambos años, seguidos por los descriptores de la hoja y el propágulo. Los descriptores de pigmentación de la nervadura y tendencia de formación de hendidura en la raíz reservante deben ser revisados, ya que sus aportes en la respuesta de la variabilidad total presentaron los valores más bajos en ambos años, además de ser los caracteres con mayor dificultad en la evaluación en campo.

b. Comparación de los agrupamientos según eficiencia de discriminación de los descriptores

Según los resultados del análisis de correspondencia múltiple de cada año, se realizaron nuevos agrupamientos con diferente número de descriptores tomando en cuenta los mejores aportes en la explicación de la variación y se realizó una comparación de matrices entre los nuevos agrupamientos con diferente número de descriptores y el agrupamiento formado por la totalidad de ellos.

Para el año 2008, se observó que el agrupamiento formado con los 12 mejores descriptores presentes en la primera dimensión de inercia tienen una alta correlación ($r = 0.93$) con el agrupamiento formado por el total de descriptores evaluados en el 2008 (Cuadro 8).

Para el año 2009, se observó que el agrupamiento formado con los 15 y 12 de los mejores descriptores presentes en la primera dimensión de inercia tienen una alta correlación ($r = 0.99$ y $r = 0.94$ respectivamente) con el agrupamiento formado por el total de descriptores evaluados en el 2009 (Figura 9).

Cuadro 8: Análisis de Correspondencia Múltiple de los descriptores morfológicos evaluados en el 2008, porcentaje de inercia, sus valores y significancia en cada dimensión.

Dimensiones	Descriptores	% de aporte	Inercia	%	% acumulado	significancia
Dimensión 1	Color de flor*	9.7	0.52	74.6	74.6	***** *****
	Número de dientes de la flor*	9.7				
	Forma de la flor*	9.7				
	Color de los propágulos *	9.0				
	Forma de la lámina y base*	8.6				
	Borde de la lamina*	8.5				
	Color de tallo*	7.8				
	Color de la pulpa de la raíz*	7.1				
	Color de la superficie de la raíz*	6.9				
	Color de follaje*	6.9				
	Color secundario de tallo y distribución*	5.9				
	Pigmentación hoja apical*	5.6				
Dimensión 2	Ramificación de tallos*	34.3	0.05	7.6	82.1	***
	Tendencia a formar hendiduras*	33.6				
Dimensión 3	Pigmentación nervadura*	75.6	0.04	5.5	87.7	**

* Descriptores usados para formar los nuevos agrupamientos

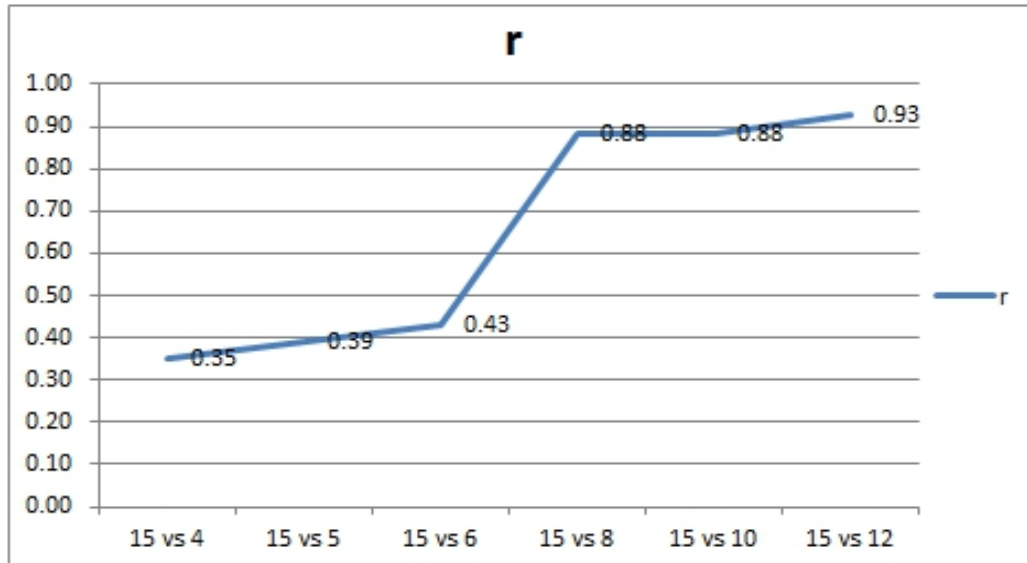
Fuente: Elaboración propia

Cuadro 9: Análisis de Correspondencia Múltiple de los descriptores morfológicos evaluados en el 2009, porcentaje de inercia, sus valores y significancia en cada dimensión.

Dimensiones	Descriptores	% de aporte	Inercia	%	% acumulado	significancia
Dimensión 1	Producción de semilla *	8.8	0.45	79.9	79.9	***** *****
	Número de dientes de la flor *	8.8				
	Color de flor *	8.6				
	Forma de la flor *	8.3				
	Ramificación de tallos *	8.2				
	Pigmentación hoja apical *	7.7				
	Color de los propágulos *	7.4				
	Borde de la lamina *	7.2				
	Color de follaje *	7.1				
	Forma de la lámina y base *	7				
	Color secundario de tallo y distribución *	5.2				
	Color de la pulpa de la raíz *	5.2				
	Color de la superficie de la raíz	4.3				
	Dimensión 2	Tendencia a formar hendiduras				
Color de tallo		20.7				
Dimensión 3	Hábito de floración	76.84	0.02	3	90.5	*
Dimensión 4	Pigmentación nervadura	61.92	0.02	2.9	93.4	*

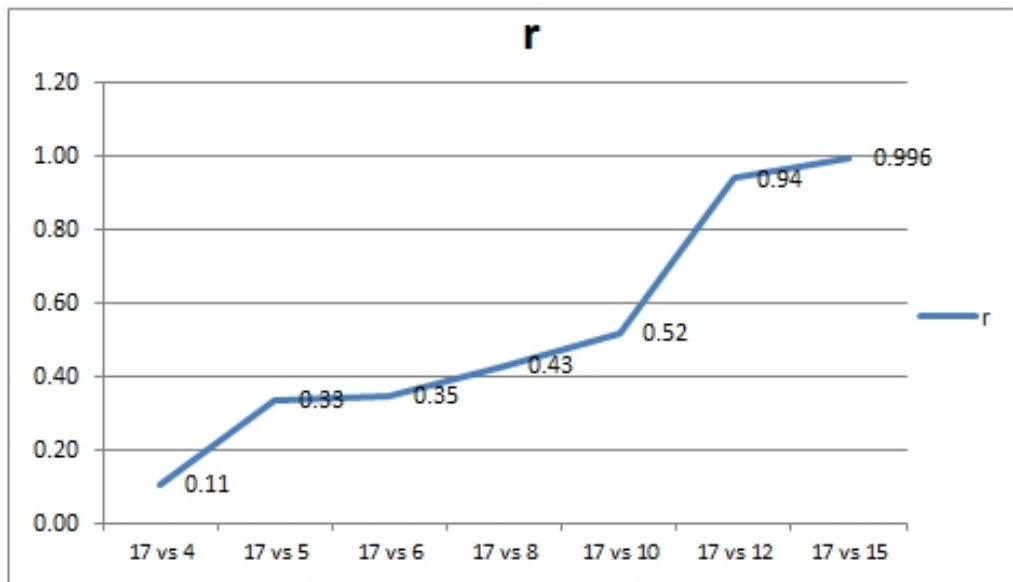
* Descriptores usados para formar los nuevos agrupamientos

Fuente: Elaboración propia



Fuente: Elaboración propia

Figura 8: Comparación de matrices entre diferentes agrupamientos formados según la eficiencia de discriminación de los descriptores morfológicos del 2008.

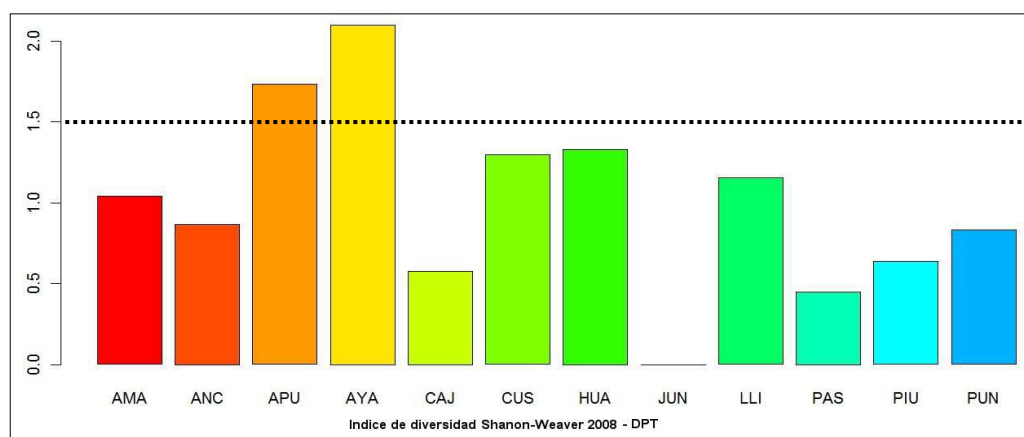


Fuente: Elaboración propia

Figura 9: Comparación de matrices entre diferentes agrupamientos formados según la eficiencia de discriminación de los descriptores morfológicos del 2009.

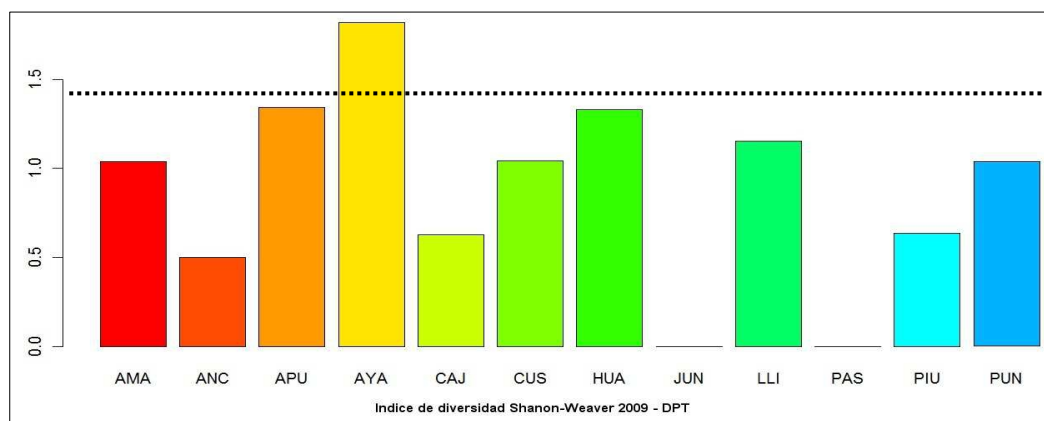
c. Índice de diversidad de Shannon - Weaver

Se observó que la diversidad mantenida entre los departamentos según los datos de caracterización morfológica del 2008 (Figura 10), 2009 (Figura 11) y los datos moleculares AFLP (Figura 12) mantienen la misma tendencia en los valores entre todos los datos, siendo los departamentos con mayor diversidad Ayacucho (AYA) y Apurímac (APU), es decir la zona sur presentan los valores más altos de diversidad.



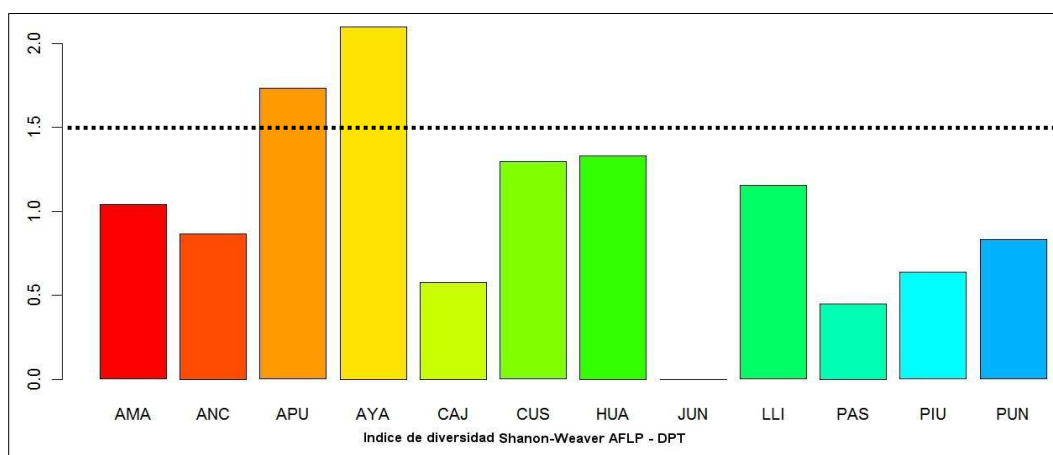
Fuente: Elaboración propia

Figura 10: Comparación de la diversidad mediante el índice de Shannon-Weaver entre Departamentos según la caracterización morfológica del 2008.



Fuente: Elaboración propia

Figura 11: Comparación de la diversidad mediante el índice de Shannon-Weaver entre Departamentos según la caracterización morfológica del 2009.



Fuente: Elaboración propia

Figura 12: Comparación de la diversidad mediante el índice de Shannon-Weaver entre Departamentos según la caracterización molecular AFLP.

4.1.3. Comparación entre los datos morfológicos y moleculares

Para evaluar la presencia de algún grado de relación entre la caracterización morfológica y molecular, se realizó un test de asociación de matrices entre los respectivos agrupamientos UPGMA de los datos morfológicos del 2008, 2009 y los datos moleculares AFLP, transformando a matrices comparables ambos agrupamientos mediante un índice de correlación cofenético. Para el análisis solo se evaluaron las 211 accesiones que presentaban tanto datos morfológicos como moleculares.

Test de asociación AFLP-Morfología 2008

Correlación de matrices: $r = -0.473$

(Normalizado Z estadístico Mantel)

Mantel t-test aproximado: $t = -9.4860$

Prob. random $Z < \text{obs. } Z: p = 0.0000$

Test de asociación AFLP-Morfología 2009

Correlación de matrices: $r = -0.522$

Mantel t-test aproximado: $t = -9.5469$

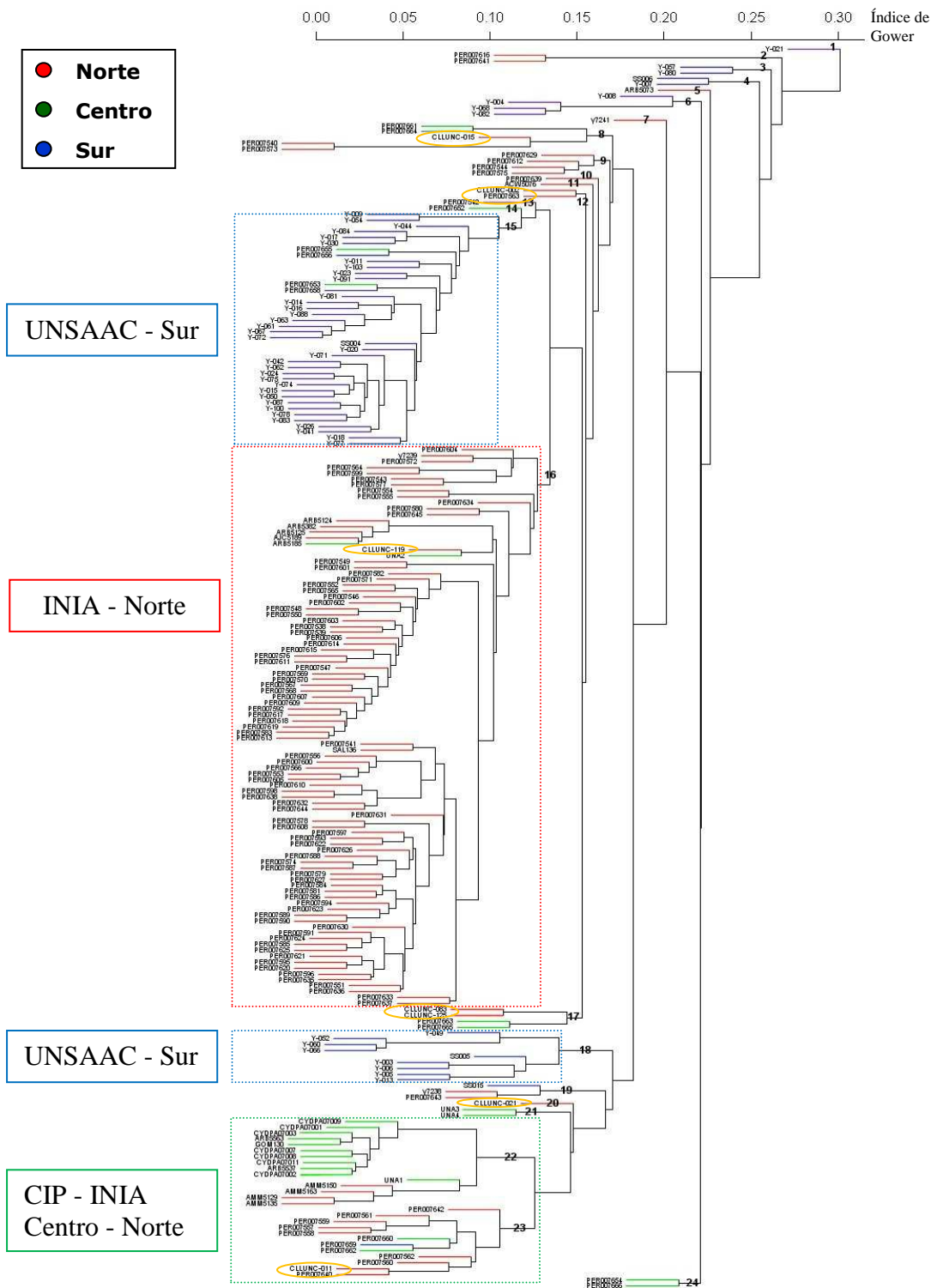
Prob. random $Z < \text{obs. } Z: p = 0.0000$

Los valores obtenidos demuestran una asociación media entre los datos morfológicos y moleculares, siendo la mejor correlación, la obtenida con la caracterización morfológica del año 2009. El signo negativo de la correlación es debido a que se compararon dos métodos de agrupamiento diferentes.

4.1.4. Agrupamiento morfológico-molecular

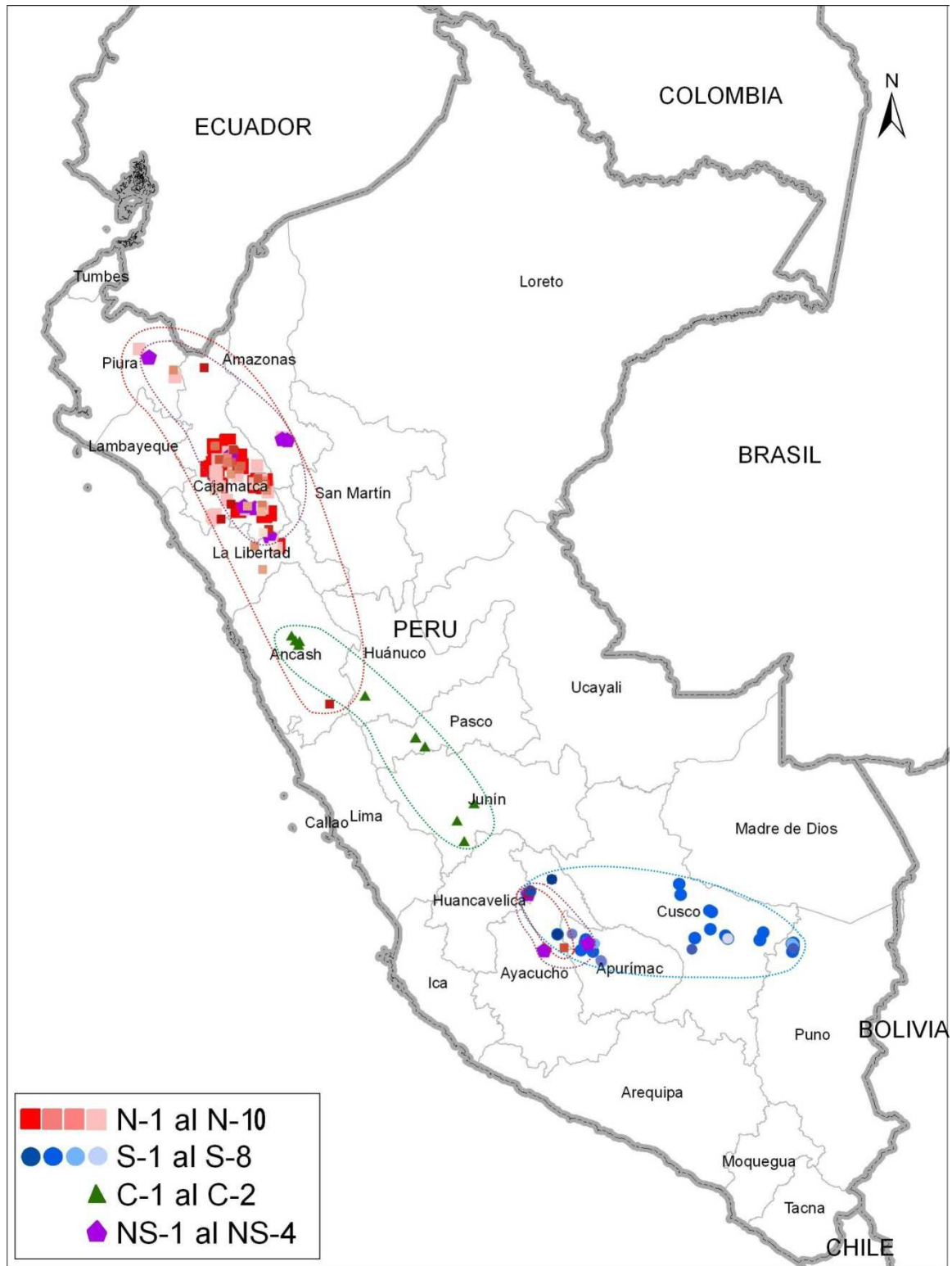
Se elaboró un dendrograma con las 211 accesiones de yacón que presentaban tanto los datos moleculares AFLP y los datos de caracterización morfológica del 2009, elegidos por su mayor valor de correlación en comparación con el 2008 (Figura 13) y se identificaron 24 grupos tomando como criterio la relación de las regiones de procedencias y los agrupamiento formados. Las 7 accesiones de la colección de UNC, que representan 7 de los 8 morfotipos que identificó Seminario en el año 2000 en la colección de UNC (108 accesiones) se encuentran bien distribuidas en todo el dendrograma, principalmente en ramas conformadas por accesiones del norte. Las accesiones de la colección del CIP, también presentan una amplia distribución en todo el dendrograma, con accesiones presentes en los grupos del norte, centro y sur. La mayoría de las accesiones de la colección del INIA, provenientes de la región norte forman un grupo estrechamente relacionado. También existe un grupo de accesiones del INIA del norte con una ligera asociación con las accesiones del centro que pertenecen a la colección del CIP. De igual manera, un gran número de accesiones provenientes de la región sur de la colección de UNSAAC, forma un estrecho grupo muy relacionado.

Al ubicar los grupos identificados según su procedencia podemos observar que ciertos grupos tienen una mayor frecuencia en determinadas regiones. Es así que de estos 24 grupos, 10 están frecuentemente presentes en la zona norte, 8 presentes casi exclusivamente en la zona sur, 2 en la zona centro y 4 grupos presentan una amplia distribución a lo largo de las tres regiones (Figura 14).



Fuente: Elaboración propia

Figura 13: Dendrograma con 211 accesiones de yacón agrupados según datos de caracterización morfológica 2009 y datos molecular de 6 combinaciones AFLP.



Fuente: Mapa elaborado por el Ing. Franklin Plasencia (Unidad de GIS-CIP)

Figura 14: Distribución geográfica de los grupos genéticos identificados según el análisis de agrupamiento morfológico -molecular de 211 accesiones de yacón.

4.2. Discusión

La diversidad genética de las colecciones de yacón mantenida en los seis bancos de germoplasma del Perú resultó baja ($D = 0.13$). Además las colecciones de yacón presentan niveles de diversidad muy semejantes entre sí; no se detectaron duplicados entre las colecciones y el número de duplicados encontrados dentro de los bancos es muy bajo (sólo 3 grupos duplicados); estos resultados indican que existe una gran homogeneidad genética en el cultivo de yacón en el Perú, por lo que la diversidad genética logra ser representativa de las diferentes colecciones evaluadas.

A pesar de que, del análisis de varianza molecular (AMOVA) se concluye que existen variaciones significativas entre la diversidad mantenida entre las regiones y los departamentos evaluados, los porcentajes de variación no son muy elevados (entre regiones = 9.55% y entre departamentos = 9.47%). Según la comparación de distancia genéticas, no existen muchas variaciones significativas en la diversidad mantenida por los departamentos del norte, lo que indicaría que la diversidad genética de la región norte puede estar representada por pocos grupos genéticos con gran distribución; estos resultados coinciden con lo descrito por Seminario y su grupo en el 2004, quien encontró que en las 107 entradas de yacón de la colección de UNC existen ocho grupos o morfotipos, lo cual implicaría que el 92 % de estas entradas son muy similares; igualmente Sotomayor (2004) identificó 12 morfotipos para la colección del INIA con 108 accesiones, principalmente procedentes del norte del Perú.

La presencia de un mayor número de bandas exclusivas en la colección de UNSAAC (compuesta por accesiones proceden del sur del Perú), y los valores obtenidos por el índice de diversidad de Shannon-Weaver para los datos morfológicos y moleculares, indican que la región sur (principalmente Ayacucho y Apurímac) presenta los niveles más altos de diversidad, lo cual sustenta lo encontrado por Grau y Rea en 1997, quienes indican que entre el área de Apurímac en Perú hasta La Paz en Bolivia, encierra el área de mayor diversidad. Por otro lado, Mansilla et. al. (2006) en su análisis de la colección del CIP con marcadores RAPD concluyeron que la región centro presentaba los mayores niveles de diversidad; los análisis de diversidad de Shannon-Weaver a nivel morfológico y molecular del presente trabajo ubican a Huánuco, de donde procede una importante parte de la colección que mantiene el banco del CIP, como el tercer departamento de mayor diversidad después de Ayacucho y Apurímac.

Los descriptores morfológicos diseñados por Arbizu et al (2001), resultan eficientes para explicar la variación morfológica presente en la colección total del yacón, siendo las características de flor, hoja y raíz los caracteres que mejor explican la variación. Además se observa que de los 17 descriptores, 12 son los descriptores más importantes para evaluar la variabilidad total; de los 5 caracteres restantes, 2 se presentaron en ambos años con bajos aportes: pigmentación de la nervadura de la hoja apical y tendencia a formar hendiduras en las raíces reservantes. Los resultados indicarían que estos 2 descriptores, por su bajo aporte para identificar variaciones, deberían ser eliminados de la lista de descriptores, aunque cabe mencionar que sería prudente evaluar otros genotipos presentes en otras colecciones (como la colección de Ecuador o Bolivia) que no fueron consideradas en el presente trabajo y observar si presentan variaciones o frecuencias significativas en estos descriptores.

La alta variabilidad morfológica encontrada (115 y 143 morfotipos respectivamente en cada año) no refleja los valores bajos de diversidad genética. Según Hermann (1997) es muy difícil diferenciar clones de yacón dentro de un amplio rango geográfico, desde Ecuador a Argentina, cuando ellos crecen en el mismo ambiente, ya que el yacón, si bien es un cultivo de reproducción clonal, tiene algunas variaciones morfológicas y fisiológicas. Sin embargo, esta variación puede reflejar, en cierta medida, la plasticidad fenotípica expresada en los ambientes contrastantes donde se cultiva a pesar de las variación genética. Por otro lado, en la campaña 2007 – 2008 la producción de semilla fue afectada por el cambio de clima, suelo o altitud que fueron sometidos los propágulos (principalmente los procedentes de las zona sur), mientras que en la campaña del 2008-2009 las fuertes heladas presentes afectaron el crecimiento de las plantas por lo que se vieron afectados los caracteres de tallo y hoja. Estos efectos de manejo agronómico y ambiental complicaron la toma de datos, aunque Sotomayor (2004) al evaluar 3 años consecutivos los datos de caracterización de yacón, encontró que las variaciones entre los años se debían más al efecto de errores de metodología, que al efecto ambiental.

La falta de una mayor correlación ($r = -0.52$) entre datos morfológicos y moleculares es un resultado esperado, ya que se han observado resultados similares en otros cultivos como oca (Rodríguez e Isla, 2009), uva (Xu et al., 2000), arroz (Federici et al, 2001) y papa (Solano et al., 2007), etc. La falta de correlación principalmente se debe a la diferente naturaleza genética de ambos marcadores, moleculares y morfológicos, por sus diferentes niveles de presión selectiva, ubicación en diferentes regiones del genoma y

a la independencia de ambos datos. Además, los efectos ambientales en ciertos caracteres morfológicos podrían complicar la evaluación, por lo que un mayor número de campañas evaluadas podría ayudar a estandarizar los resultados morfológicos y quizás obtener una mejor correlación entre los datos morfológicos y moleculares, así como también incrementar el número de marcadores moleculares.

Según los análisis morfológicos y moleculares evaluados se evidencia que existe un grupo de genotipos concentrados en la región norte, otro pool en la región sur y un grupo de genotipos de amplia distribución en todo el país. Además las accesiones del centro tienden a compartir material genético entre las accesiones del norte y el sur, con una mejor relación con las accesiones de la zona norte. Grau & Rea, sugieren que la distribución geográfica es un marcador muy importante para el yacón, debido a las diferencias del tamaño de la raíz tuberosa que se encontraron entre la zona de Ecuador, Cajamarca y Cuzco en Perú. Además encontró una alta variabilidad del color de la pulpa en la zona sur de Perú y norte de Bolivia, en comparación con Ecuador y Argentina. Según Seminario (2004), los grupos genéticos representados por los morfotipos que se distribuyen en todo el país serían los más antiguos, movidos por la trashumancia de las poblaciones antiguas. En cambio, los otros morfotipos, serían más tardíos, evolucionaron bajo domesticación en determinadas áreas y culturas locales y no se movieron, porque fueron originados cuando el yacón dejó de ser un cultivo importante, esta teoría explicaría la frecuencia de ciertos genotipos en el norte y el sur del Perú. Por otro lado, la naturaleza clonal, y un sistema reproductivo poco funcional, sugiere que los posibles eventos que han producido estas variaciones son procesos de selección natural en cada zona ecológica y que por lo tanto, es posible hallar en una menor área genotipos que puedan ser diferentes debido a la gran variabilidad ecológica de la región andina (Mansilla, 2006). La fijación de ciertos caracteres en determinadas regiones (norte o sur) producto de estos procesos de presión selectiva (natural y últimamente humana) podrían ser acelerados por los bajos niveles de diversidad genética que presenta el cultivo del yacón.

V. CONCLUSIONES

La diversidad genética del yacón dentro de las 6 colecciones de germoplasma peruanas evaluadas es baja.

Casi el 99% de las accesiones estudiadas resultaron genotipos únicos. Sin embargo los materiales comparten una relación genética muy alta.

Los valores de diversidad más altos en las colecciones se encontraron en la región sur del Perú (Apurímac y Ayacucho).

Las accesiones procedentes de la región norte presentan una gran homogeneidad genética.

Existe una relación entre los grupos genéticos identificados y su frecuencia de distribución geográfica. Un grupo al norte, un grupo a la zona sur y uno de amplia distribución.

15 de los 17 descriptores morfológicos evaluados fueron eficientes en explicar la variación morfológica total del yacón.

Los descriptores de la pigmentación de la nervadura y la tendencia de formar hendiduras en la raíz reservante, no son caracteres muy informativos en la colección total de yacón en el Perú.

La diversidad obtenida a nivel molecular y morfológico es muy similar, lo que indica que ambos marcadores son eficientes para medir la diversidad genética del yacón.

Existe una correlación media entre los marcadores morfológicos y moleculares.

VI. RECOMENDACIONES

Reevaluar el uso de los caracteres de pigmentación de la nervadura y tendencia a formar hendiduras en la raíz de los descriptores morfológicos de yacón, por ser poco informativos y de difícil lectura en campo.

Continuar con las evaluaciones morfológicas, en los siguientes años y en diferentes localidades o regiones, para corroborar la estabilidad de los caracteres evaluados y lograr una mejor correlación con los marcadores moleculares.

Incrementar el número de marcadores moleculares AFLP, o complementar los resultados con otros marcadores moleculares para confirmar los resultados.

Dirigir futuras expediciones de colecta hacia las zonas centro y sur, siguiendo criterios genéticos poblacionales, para poder corroborar los niveles de diversidad encontrados en el presente trabajo, así como para ampliar el acervo genético de las colecciones de yacón.

Identificar e incorporar en las futuras investigaciones a los parientes silvestres del yacón para lograr una mejor comprensión de su filogenia.

Construir un mapa genético molecular del yacón, y usarlo para identificar genes ligados a caracteres agronómicos y/o bioquímicos relevantes.

VII. REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

Alfaro, M; Zoller, S y Lutzoni, F. 2003. Bayes or “bootstrap”? A Simulation Study comparing the performance of Bayesian Markov Chain Monte Carlo Sampling and “bootstrapping” in assessing Phylogenetic Confidence. *Mol. Biol. Evol.*, 20(2):255-266.

Arbizu, C; Seminario, J; Valderrama, M; Santos, FF; Ugarte, ML; Lizárraga, L y Aguirre, R. 2001. Descriptores para yacón. Lista 3. En Holle, M. y D. Talledo. 2001(eds.). Conservación y uso de la biodiversidad de raíces y tubérculos andinos. Lima, Perú.

Atteson, K. 1997. The performance of neighbor-joining algorithms of phylogeny reconstruction. pp. 101–110. In Jiang, T., and Lee, D., eds., *Lecture Notes in Computer Science*, 1276, Springer-Verlag, Berlin. COCOON '97.

CIP (CENTRO INTERNACIONAL DE LA PAPA, PE). 1997. Molecular Biology Laboratory Protocols: Plant Genotyping. Ghislain, M; Zhang, D y Herrera, R (Eds.). Genetic Resources Department, training manual, CIP, Lima, Peru.

Crisci, JV y Lopez, MF. 1983. Introducción a la teoría práctica de la taxonomía numérica. Secretaria de la Organización de estados americanos (OEA). Washington, DC. P 39-67.

Dice, LR. 1945. Measurement of the amount of ecological association between species. *Ecology*, 26:297-302

Doyle, JJ y Doyle, JL. 1990. A rapid total DNA preparation procedure for fresh plant tissue. *Focus* 12:13-15.

Efron, B. 1979. "Bootstrap Methods: Another Look at the Jackknife". *The Annals of Statistics* 7 (1): 1–26. doi:10.1214/aos/1176344552.

Elfron, B; Halloran, E y Holmes, S. 1996. "Bootstrap" confidence levels for phylogenetic trees. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the USA*, 93: 7085-7090.

Excoffier, L; Smouse PE y Quattro, JM. 1992. Analysis of molecular variance inferred from metric distances among DNA haplotypes: Application to human mitochondrial DNA restriction data. *Genetics*, 131:479-491.

Federici, M; Vaughan, D; Tomooka, N; Kaga, A; Wang Wang, X; Doi, K; Francis, M; Zorrilla, G y Saldain, N .2001. Analysis of Uruguayan weedy rice genetic diversity using AFLP molecular markers. *Electronic J. Biotechnol.* 4(3): 130-145.

Felsenstein, J .1985. Confidence limits on phylogenies: An approach using the bootstrap. *Evolution* 39:783-791.

Ferreira, ME y Grattapaglia, D. 1998. Introducción al uso de marcadores moleculares en el análisis genético. EMBRAPA, Brasil.

Genta, S; Cabrera, W; Habib, N; Pons, J; Manrique, I; Grau, A y Sanchez, S. 2009. Yacon syrup: Beneficial effects on obesity and insulin resistance in humans. *Clinical Nutrition* 28: 182-187.

Gower, J. 1971. A general coefficient of similarity and some of its properties. *Biometrics*, 27:857-874.

Grau, A y Rea, J. 1997. Yacón, *Smallanthus sonchifolius* (Poepp. & Endl) H. Robinson. Pp 199-242. En: **Hermann, M y Heller, J. 1997.** *Andean Roots and tubers: Ahipa, Arracacha, Maca and Yacon*. Promoting the conservation and use of underutilized and neglected crops. 21. Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research, Gatersleben/ International Plant Genetic Resources Institute, Rome, Italy.

Grau, A y Slains, A. 1996. Is *Polymnia sylphioides* var. *Perennis* a wild ancestor of yacon? Resumos I Congreso Latino Americano de Raíces Tropicales. CERAT-UNESP, Sao Pedro, Brasil. En: **Hermann, M y Heller, J. 1997.** *Andean Roots and tubers: Ahipa, Arracacha, Maca and Yacon*. Promoting the conservation and use of underutilized and neglected crops. 21. Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research, Gatersleben/ International Plant Genetic Resources Institute, Rome, Italy.

Greenacre, M. 2008. La práctica del análisis de correspondencias. Fundación BBVA. Primera Edición. España.
<http://www.fbbva.es/TLFU/tlfu/esp/publicaciones/libros/fichalibro/index.jsp?codigo=300>

Hair, J; Anderson, R; Tatham, R y Black, W. 1992. *Multivariate Data Analysis*. MacMillon Publ. Co. New York. 544p.

Hermann, M y Heller, J. 1997. *Andean Roots and tubers: Ahipa, Arracacha, Maca and Yacon*. Promoting the conservation and use of underutilized and neglected crops. 21. Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research, Gatersleben/ International Plant Genetic Resources Institute, Rome, Italy.

Highton, R. 1993. The relationship between the number of loci and the statistical support for the topology of UPGMA trees obtained from genetic distance data. *Molecular Phylogenetics and Evolution* 2:337-343.

Hillis, DM y Bull, JJ. 1993. An empirical test of bootstrapping as a method for assessing confidence in phylogenetic analysis. *Systematic Biology* 42:182-192.

Ishiki, K; Salgado Moreno, V y Arellano, J. 1997. Revision of chromosome number and karyotype of Yacón (*Polymnia sonchifolia*). Resúmenes del Primer Taller Internacional sobre Recursos Filogenéticos del Noroeste Argentino. INTA, Salta, Argentina. En: **Hermann, M y Heller, J. 1997.** *Andean Roots and tubers: Ahipa, Arracacha, Maca and Yacon*. Promoting the conservation and use of underutilized and neglected crops. 21. Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research, Gatersleben/ International Plant Genetic Resources Institute, Rome, Italy.

Jaccard, P. 1908. Nouvelles recherches sur la distribution florale. Bull. Soc. Vaud. Sci. Nat., 44:223-270.

Kakihara, T ; Camara, F ; Vilhena, S y Riera, L. 1996. Cultivo e industrializacáo de yacon: uma experiencia brasileira. Resumos I Congreso Latino Americano de Raizes Tropicais. CERAT-UNESP, Sao Pedro, Brasil.

Kaufman, L y Rosseeuw, P. 1990. Finding Groups in Data. An introduction to cluster analysis. A Wiley – Interscience publication. John Wiley & sons, Inc. New York. United States. 342p.

Li, W-H L y Graur, D. 1991. Fundamentals of Molecular evolution. Sinauer Associates, Inc. Massachusetts. Pp. 106-08.

Lizarraga, L. 2008. Comunicación personal sobre colección de la universidad UNSAAC.

Lopez, J e Hidalgo, M. 1994. Análisis de Componentes principales y análisis factorial. En : Ato M y Lopez J (eds). Fundamentos de estadística con SYSTAD. Addison. Wesley Iberoamericana. P 457-503.

Mansilla, R; Lopez, B; Blas, R; Chia, W. y Baudoin, J. 2006. Análisis de la variabilidad molecular de una colección peruana de *Smallanthus sonchifolius* (Poepp. & Endl)H. Robinson ‘yacon’. Ecología Aplicada (Perú) 5(1/2): 75-80.

Mantel, N y Valand, R S. 1970. A technique of nonparametric multivariate analysis. Biometrics 26: 547-558.

Mantel, N. 1967. The detection of disease clustering and a generalized regression approach. Cancer Research, 27, 209–220.

Meza, G. 1995. Variedades nativas de yacón (*Polymnia sonchifolia*) en Cusco. CICA, UNSAAC, Cusco. En: **Valderrama, M y Seminario, J. 2002.** Diversidad y variabilidad genética del yacón. I Curso Nacional: Cultivo y Aprovechamiento del Yacón. Memorias – Cajamarca, Perú.

Milella, L; Salava, J; Martelli, G; Greco, I; Cusimamani, E y Viehmannová, I. 2005. Genetic Diversity between Yacón Landraces from Different Countries Based on Random Amplified Polymorphic DNAs. Czech J. Genet. Plant Breed., 41, 2005 (2): 73–78.

Morillo, E; Tapia, C; Estrella, J y Castillo, R. 2002. Caracterización agromorfológica de la colección de jícama (*Smallanthus sonchifolius* P. &E.) del banco de germoplasma del INIAP-Ecuador.

Nei, M y Li, W-H. 1979. Mathematical model for studying genetic variation in terms of restriction endonucleases. Proceedings of the National Academy of Sciences, USA 76: 5269-5273.

Nei, M. 1973. Analysis of gene diversity in subdivided populations. Proceedings of the National Academy of Sciences of the USA, 70 (12): 3321-3323.

Perrier, X y Jacquemoud-Collet, JP 2006. DARwin software <http://darwin.cirad.fr/darwin>

Rea, J. 1998. Recursos genéticos del yacón. En: producción de raíces andinas. Manual de capacitación. Compilador Juan Seminario. Lima-Perú. P 27.3.

Rodriguez, L e Isla, MT. 2009. Comparative analysis of genetic and morphologic diversity among quinoa accessions (*Chenopodium quinoa Willd.*) of the South of Chile and highland accessions. Journal of Plant Breeding and Crop Science Vol. 1(5). pp. 210-216, July, 2009.

Rohlf, FJ. 1994. NTSYS PC. Numerical Taxonomy and multivariate Analisis for the IBM PC microcomputers (and compatibles). Version 2.1 User manual.

Rohlf, FJ. 2001. Comparative methods for the analysis of continuous variables:geometric interpretations. Evolution 55:2143-2160.

Royal Horticultural Society (Great Britain) & Bloemenbureau Holland. 1986. R.H.S. colour chart. Royal Horticultural Society; Leiden : Flower Council of Holland, London.

Saitou, N y Nei, M. 1987. "The neighbor-joining method: a new method for reconstructing phylogenetic trees." *Molecular Biology and Evolution*, volume 4, issue 4, pp. 406-425, July 1987.

Salgado, M. 1996. Evaluación y caracterización citogenética de 16 entradas de Jicama (*Polymnia sonchifolia* Poep. & Endl.) de Sudamérica. Tesis de Grado, Universidad Central de Ecuador. En: **Hermann, M y Heller, J. 1997.** *Andean Roots and tubers: Ahipa, Arracacha, Maca and Yacon*. Promoting the conservation and use of underutilized and neglected crops. 21. Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research, Gatersleben/ International Plant Genetic Resources Institute, Rome, Italy.

Schneider, S; Kueffer, J-M; Roessli, D; Excoffier, L. 1997. Arlequin, Version 1.1: a Software for Population Genetic Data Analysis. Genetics and Biometry Laboratory, University of Genova, Switzerland.

Seminario, J; Valderrama, M y Romero, J. 2004. Variabilidad morfológica y distribución geográfica del yacón, *Smallanthus sonchifolius* (Poepp. & Endl) H. Robinson, en el norte peruano. *Arnaldoa*, 11(1): 139-160.

Seminario, J; Valderrama, M. y Manrique, I. 2003. El Yacón, Fundamentos para el aprovechamiento de un recurso promisorio. Centro Internacional de la papa (CIP), Universidad Nacional de Cajamarca (UNC), Agencia suiza para el desarrollo y la cooperación (COSUDE). Lima, Perú.

Sevilla, R y Holle, M. 2004. Recursos genéticos vegetales. Edición Luis León Asociados S.R.L. Lima-Perú. 445p.

Shannon, C. 1949. The mathematical theory of communication. Eds. C. E. Shannon y W. Weaver. The mathematical Theory of Communication. University of Illinois Press. Urbana.

Shannon, CE y Weaver, W. 1949. A Mathematical Model of Communication. Urbana, IL: University of Illinois Press

Sneath, P y Sokal, R. 1973. Numerical Taxonomy. The principles and practice of numerical classification. Freeman and Company. San Francisco. E.U. 358p.

Sokal, R y Sneath, P. 1963. Principles of Numerical Taxonomy. W. H. Freeman and Company. San Francisco – USA. 359p.

Solano, J; Morales, D y Anabalón, L .2007. Molecular description and similarity relationships among native germplasm potatoes (*Solanum tuberosum ssp. tuberosum* L.) using morphological data and AFLP markers. Electronic J. Biotechnol. 10(3): 436-443.

Sotomayor, M. 2004. Variabilidad del Germoplasma de Raíces andinas del INIEA del Norte del Perú (*Arracacia xanthorrhiza* Bancroft, *Mirabilis ezpansa* (Ruiz & Pavón) Standley y *Smallanthus sonchifolius* (Poepp. & Endl) H. Robinson). Tesis para optar el título de Biólogo. Universidad Nacional Agraria La Molina. Lima.

Talledo, D y Escobar, M. 1996. Caracterización cariotípica de germoplasma RTA. Laboratorio de Biología Celular y Genética. Memorias. En: **Hermann, M. y Heller, J. 1997.** *Andean Roots and tubers: Ahipa, Arracacha, Maca and Yacon.* Promoting the conservation and use of underutilized and neglected crops. 21. Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research, Gatersleben/ International Plant Genetic Resources Institute, Rome, Italy.

Tello, M. 2002. Caracterización morfológica y molecular de genotipos de Yacón (*Smallanthus sonchifolius* Poepp. & Endl.) H. Robinson provenientes del departamento de Huanuco. Tesis para optar el título de Magister en Mejoramiento Genético de Plantas.. Escuela de Post Grado Especialidad de Mejoramiento Genético de Plantas, Universidad Nacional Agraria La Molina. Lima, 2002.

Valentová, K; Moncion, A, de Waziers, I y Ulrichová, J. 2004. The effect of *Smallanthus sonchifolius* leaf extracts on rat hepatic metabolism. *Cell Biology and Toxicology* 20 (2): 109-120.

Volpato, G; Viera, F; Almeida, F; Camara, F y Lemonica, I. 1997. Study of the hypoglycemic effects of *Polymnia sonchifolia* leaf extracts in rats. II world Congress on Medical and Aromatic Plants for Human Welfare. Mendoza, Argentina.

Vos, P; Hogers, R; Bleeker, M; Reijans, M; van de Lee, T; Hornes, M; Frijters, A; Pot, J; Peleman, J y Kuiper, M. 1995. AFLP: a new technique for DNA fingerprinting. *Nucleic Acids Research*, 23 (21): 4407-4414.

Weaver, W y Shannon, CE. 1963. *The Mathematical Theory of Communication.* Univ. of Illinois Press. ISBN 0252725484.

Xu, R; Tomooka, N y Vaughan, DA. 2000. AFLP markers for characterizing the azuki bean complex. *Crop Sci.*, 40 (3): 808-815.

VIII. ANEXOS

ANEXO 1: Principales datos pasaporte de las accesiones de las colecciones de yacón utilizadas en este estudio.

N	Collector number	CIP number	Banco de Germoplasma	Departamento	Provincia	Nombre local	País
1	ACW5076	205006	CIP	Cajamarca	Hualgayoc	Yacón	Perú
2	AFV5598	205050	CIP	Junín	Concepción	-	Perú
3	AFV5599	205051	CIP	Junín	Concepción	-	Perú
4	AJC5189	205021	CIP	Cajamarca	Bambamarca	Llacón	Perú
5	AKW5075	205005	CIP	Cajamarca	Cajamarca	Yacón	Perú
6	AME5186	205018	CIP	Ancash	Bolognesi	Yacón blanco	Perú
7	AME5187	205019	CIP	Ancash	Bolognesi	Yacón blanco	Perú
8	AMM5126	205009	CIP	Ancash	Huaylas	Yacón	Perú
9	AMM5129	205010	CIP	Ancash	Yungay	Yacón	Perú
10	AMM5135	205011	CIP	Ancash	Yungay	Yacón	Perú
11	AMM5136	205012	CIP	Ancash	Yungay	Yacón	Perú
12	AMM5150	205013	CIP	Ancash	Carhuaz	Yacón	Perú
13	AMM5163	205014	CIP	Ancash	Carhuaz	Yacón	Perú
14	AMM5164	205015	CIP	Ancash	Carhuaz	Yacón	Perú
15	AMM5188	205020	CIP	Ancash	Bolognesi	Yacón blanco	Perú
16	ARB5027	205004	CIP	Lima	Yauyos	Yacón	Perú
17	ARB5073	205002	CIP	Cajamarca	Celendín	Llacón rojo	Perú
18	ARB5074	205003	CIP	Cajamarca	Celendín	Llacón rojo naranja	Perú
19	ARB5124	205007	CIP	Cajamarca	Celendín	Llacón blanco	Perú
20	ARB5125	205008	CIP	Cajamarca	Celendín	Llacón naranja	Perú
21	ARB5184	205016	CIP	Ayacucho	Vilcahuamán	Yacón	Perú
22	ARB5185	205017	CIP	Ayacucho	Vilcahuamán	Yacón morado	Perú
23	ARB5382	205022	CIP	Cajamarca	Chota	Llacón blanco	Perú
24	ARB5537	205031	CIP	Junín	-	Yacón	Perú
25	ARB5563	205032	CIP	Junín	Huancayo	Yacón	Perú
26	ARB5564	205033	CIP	Huancayo	Huancayo	Yacón	Perú
27	DPA007001	205034	CIP	Huanuco-Pasco	-	Yacón	Perú
28	DPA007002	205035	CIP	Huanuco-Pasco	-	Yacón	Perú
29	DPA007003	205036	CIP	Huanuco-Pasco	-	Yacón	Perú
30	DPA007004	205037	CIP	Huanuco-Pasco	-	Yacón	Perú
31	DPA007005	205038	CIP	Huanuco-Pasco	-	Yacón	Perú
32	DPA007006	205039	CIP	Huanuco-Pasco	-	Yacón	Perú
33	DPA007007	205040	CIP	Huanuco-Pasco	-	Yacón	Perú
34	DPA007008	205041	CIP	Huanuco-Pasco	-	Yacón	Perú
35	DPA007009	205042	CIP	Huanuco-Pasco	-	Yacón	Perú
36	DPA007010	205043	CIP	Huanuco-Pasco	-	Yacón	Perú
37	DPA007011	205044	CIP	Huanuco-Pasco	-	Yacón	Perú
38	GOM130	205049	CIP	Junín	Concepción	Yacón	Perú
39	MH1352	205046	CIP	-	-	-	-
40	MH1362	205045	CIP	Loja	Loja	-	Ecuador
41	MH819	205001	CIP	Cuzco	Cusco	Yacón	Perú
42	MHG919	205030	CIP	Cochabamba	P. Quillacollo	Yacón	Bolivia
43	MHG923	205025	CIP	Cochabamba	P. Chapare	Yacón	Bolivia
44	MHG926	205026	CIP	Cochabamba	P. Chapare	K'olli yacón	Bolivia
45	MHG927	205027	CIP	Cochabamba	P. Chapare	Yacón	Bolivia
46	P1184	205028	CIP	Cajamarca	Cajabamba	Llacón	Perú
47	P1385	205029	CIP	Apurímac	Andahuaylas	Yakumpi	Perú
48	SAL136	205023	CIP	Cajamarca	Cajamarca	Llacón	Perú
49	7238		INIA	-	-	Nva Huamachuco	Perú
50	7239		INIA	-	-	Gringa	Perú
51	7241		INIA	-	-	Gringa	Perú
52	PER007538		INIA	Cajamarca	Contumaza	Llacón amarillo	Perú
53	PER007539		INIA	Cajamarca	Contumaza	Llacón amarillo	Perú

54	PER007540		INIA	La Libertad	Otuzco	Llacón blanco	Perú
55	PER007541		INIA	Cajamarca	Cutervo	Llacón	Perú
56	PER007542		INIA	Cajamarca	Hualgayoc	Llacón blanco	Perú
57	PER007543		INIA	Piura	Huancabamba	Llacón	Perú
58	PER007544		INIA	Cajamarca	San Miguel	Llacón amarillo	Perú
59	PER007546		INIA	Amazonas	Chachapoyas	Llacón	Perú
60	PER007547		INIA	Cajamarca	Santa Cruz	Llacón	Perú
61	PER007548		INIA	Cajamarca	Celendín	Llacón	Perú
62	PER007549		INIA	Cajamarca	Hualgayoc	Llacón	Perú
63	PER007550		INIA	Cajamarca	Chota	Llacón	Perú
64	PER007551		INIA	Cajamarca	Hualgayoc	Llacón	Perú
65	PER007552		INIA	Cajamarca	Hualgayoc	Llacón	Perú
66	PER007553		INIA	Cajamarca	Cutervo	Llacón	Perú
67	PER007554		INIA	Cajamarca	Cutervo	Llacón	Perú
68	PER007555		INIA	Cajamarca	Hualgayoc	Llacón	Perú
69	PER007556		INIA	Cajamarca	Chota	Llacón	Perú
70	PER007557		INIA	Cajamarca	Chota	Llacón	Perú
71	PER007558		INIA	Cajamarca	Chota	Llacón	Perú
72	PER007559		INIA	Piura	Morropon	Llacón	Perú
73	PER007560		INIA	Piura	Morropon	Llacón	Perú
74	PER007561		INIA	Amazonas	Chachapoyas	Llacón blanco	Perú
75	PER007562		INIA	Amazonas	Chachapoyas	Llacón dulce	Perú
76	PER007563		INIA	La Libertad	Santiago de Chuco	Llacón	Perú
77	PER007564		INIA	La Libertad	Otuzco	Llacón	Perú
78	PER007565		INIA	La Libertad	Sanchez Carrion	Llacón	Perú
79	PER007566		INIA	La Libertad	Sanchez Carrion	Llacón	Perú
80	PER007567		INIA	La Libertad	Sanchez Carrion	Llacón	Perú
81	PER007568		INIA	Cajamarca	Cajamarca	Llacón rojo	Perú
82	PER007569		INIA	Piura	Huancabamba	Llacón	Perú
83	PER007570		INIA	Piura	Huancabamba	Llacón	Perú
84	PER007571		INIA	Piura	Ayabaca	Llacón rosado	Perú
85	PER007572		INIA	Cajamarca	San Miguel	Llacón	Perú
86	PER007573		INIA	Cajamarca	San Miguel	Llacón	Perú
87	PER007574		INIA	Cajamarca	San Miguel	Llacón	Perú
88	PER007575		INIA	Cajamarca	San Miguel	Llacón	Perú
89	PER007576		INIA	Cajamarca	San Miguel	Llacón	Perú
90	PER007577		INIA	Cajamarca	Chota	Llacón	Perú
91	PER007578		INIA	Cajamarca	Chota	Llacón	Perú
92	PER007579		INIA	Cajamarca	Chota	Llacón	Perú
93	PER007580		INIA	Cajamarca	Chota	Llacón	Perú
94	PER007581		INIA	Cajamarca	Chota	Llacón	Perú
95	PER007582		INIA	Cajamarca	Contumaza	Llacón	Perú
96	PER007583		INIA	Cajamarca	Celendín	Llacón blanco	Perú
97	PER007584		INIA	Cajamarca	Celendín	Llacón colorao	Perú
98	PER007585		INIA	Cajamarca	Celendín	Llacón	Perú
99	PER007586		INIA	Cajamarca	Celendín	Llacón	Perú
100	PER007587		INIA	Cajamarca	Celendín	Llacón blanco	Perú
101	PER007588		INIA	Cajamarca	Celendín	Llacón	Perú
102	PER007589		INIA	Cajamarca	Celendín	Llacón	Perú
103	PER007590		INIA	Cajamarca	Celendín	Llacón	Perú
104	PER007591		INIA	Cajamarca	Celendín	Llacón	Perú
105	PER007592		INIA	Cajamarca	Celendín	Llacón	Perú
106	PER007593		INIA	Cajamarca	Celendín	Llacón	Perú
107	PER007594		INIA	Cajamarca	Celendín	Llacón	Perú
108	PER007595		INIA	Cajamarca	Celendín	Llacón	Perú
109	PER007596		INIA	Cajamarca	Celendín	Llacón	Perú
110	PER007597		INIA	Cajamarca	Celendín	Llacón morado	Perú
111	PER007598		INIA	Cajamarca	Celendín	Llacón	Perú
112	PER007599		INIA	Cajamarca	Celendín	Llacón	Perú
113	PER007600		INIA	Cajamarca	Celendín	Llacón	Perú
114	PER007601		INIA	Cajamarca	Chota	Llacón amarillo	Perú
115	PER007602		INIA	Cajamarca	Hualgayoc	Llacón	Perú
116	PER007603		INIA	Cajamarca	Celendín	Llacón	Perú
117	PER007604		INIA	Cajamarca	Celendín	Llacón	Perú
118	PER007605		INIA	Cajamarca	Celendín	Llacón rosado	Perú
119	PER007606		INIA	Cajamarca	Celendín	Llacón blanco	Perú
120	PER007607		INIA	Cajamarca	Cajamarca	Llacón	Perú
121	PER007608		INIA	Cajamarca	Cajamarca	Llacón morado	Perú
122	PER007609		INIA	Cajamarca	Celendín	Llacón blanco	Perú
123	PER007610		INIA	Cajamarca	Celendín	Llacón	Perú

124	PER007611		INIA	Cajamarca	Celendín	Llacón colorao	Perú
125	PER007612		INIA	Cajamarca	Celendín	Llacón	Perú
126	PER007613		INIA	Cajamarca	San Marcos	Llacón blanco	Perú
127	PER007614		INIA	Cajamarca	Cajamarca	Llacón	Perú
128	PER007615		INIA	Cajamarca	Cajamarca	Llacón blanco	Perú
129	PER007616		INIA	Cajamarca	San Marcos	Llacón	Perú
130	PER007617		INIA	Cajamarca	San Miguel	Llacón	Perú
131	PER007618		INIA	Cajamarca	San Miguel	Llacón	Perú
132	PER007619		INIA	Cajamarca	San Miguel	Llacón blanco	Perú
133	PER007620		INIA	Cajamarca	San Miguel	Llacón	Perú
134	PER007621		INIA	Cajamarca	Santa Cruz	Llacón	Perú
135	PER007622		INIA	Cajamarca	Santa Cruz	Llacón	Perú
136	PER007623		INIA	Cajamarca	Santa Cruz	Llacón	Perú
137	PER007624		INIA	Cajamarca	Santa Cruz	Llacón blanco	Perú
138	PER007625		INIA	Cajamarca	Cutervo	Llacón	Perú
139	PER007626		INIA	Cajamarca	Cutervo	Llacón	Perú
140	PER007627		INIA	Cajamarca	Cutervo	Llacón	Perú
141	PER007629		INIA	Cajamarca	Chota	Llacón	Perú
142	PER007630		INIA	Cajamarca	Chota	Llacón	Perú
143	PER007631		INIA	Cajamarca	Chota	Llacón	Perú
144	PER007632		INIA	Cajamarca	Chota	Llacón blanco	Perú
145	PER007633		INIA	Cajamarca	Chota	Llacón	Perú
146	PER007634		INIA	Cajamarca	Hualgayoc	Llacón	Perú
147	PER007635		INIA	Cajamarca	Hualgayoc	Llacón	Perú
148	PER007636		INIA	Cajamarca	Cutervo	Llacón marron	Perú
149	PER007637		INIA	Cajamarca	San Marcos	Llacón blanco	Perú
150	PER007638		INIA	Cajamarca	San Marcos	Llacón blanco	Perú
151	PER007639		INIA	Cajamarca	San Marcos	Llacón	Perú
152	PER007640		INIA	Cajamarca	Cajamarca	Llacón colorao	Perú
153	PER007641		INIA	La Libertad	Sanchez Carrion	Llacón	Perú
154	PER007642		INIA	Cajamarca	Cajabamba	ALLlacón	Perú
155	PER007643		INIA	Cajamarca	Cajabamba	Llacón	Perú
156	PER007644		INIA	Cajamarca	San Marcos	Llacón	Perú
157	PER007645		INIA	Cajamarca	Celendín	Llacón rosado	Perú
158	PER007652		INIA	Ayacucho	Huanta	Yacón morado	Perú
159	PER007653		INIA	Ayacucho	Huanta	Yacón amarillo	Perú
160	PER007654		INIA	Ayacucho	Vilcashuaman	Yacón	Perú
161	PER007655		INIA	Ayacucho	Vilcashuaman	Yacón	Perú
162	PER007656		INIA	Apurímac	Andahuaylas	Yacón	Perú
163	PER007658		INIA	Apurímac	Andahuaylas	Yacón llorón	Perú
164	PER007659		INIA	Apurímac	Andahuaylas	Yacón llorón	Perú
165	PER007660		INIA	Ayacucho	Huanta	Yacón	Perú
166	PER007661		INIA	Ayacucho	Huanta	Yacón	Perú
167	PER007662		INIA	Ayacucho	Victor Fajardo	Yacón Yacón	Perú
168	PER007663		INIA	Ayacucho	Huanta	Yacón	Perú
169	PER007664		INIA	Ayacucho	Huanta	Yacón	Perú
170	PER007665		INIA	Ayacucho	Huanta	Yacón	Perú
171	PER007666		INIA	Ayacucho	Huanta	Yacón	Perú
172	Apa1		UNALM	Huancayo	Apata	Yacón	Perú
173	Pun4		UNALM	Puno	-	Yacón	Perú
174	RBS401		UNALM	Huanuco	-	Yacón	Perú
175	RBS402		UNALM	Huanuco	-	Yacón	Perú
176	RBS404		UNALM	Huanuco	-	Yacón	Perú
177	RBS405		UNALM	Huanuco	-	Yacón	Perú
178	UNA1		UNALM	Huanuco	-	Yacón	Perú
179	UNA2		UNALM	Huanuco	-	Yacón	Perú
180	UNA3		UNALM	Huanuco	-	Yacón	Perú
181	UNA4		UNALM	Huanuco	-	Yacón	Perú
182	1		UNC	Cajamarca	Baños del Inca	Yacón	Perú
183	2		UNC	Cajamarca	Jesus	Yacón	Perú
184	3		UNC	Cajamarca	Jesus	Yacón	Perú
185	4		UNC	Cajamarca	Jesus	Yacón	Perú
186	5		UNC	Cajamarca	Jesus	Yacón	Perú
187	6		UNC	Cajamarca	Cajamarca	Yacón	Perú
188	7		UNC	Cajamarca	Jesus	Yacón	Perú
189	8		UNC	Cajamarca	Jesus	Yacón	Perú
190	9		UNC	Cajamarca	Jesus	Yacón	Perú
191	9		UNC	Cajamarca	-	Yacón	Perú
192	10		UNC	Cajamarca	Magna	Yacón	Perú
193	11		UNC	Cajamarca	Jesus	Yacón	Perú

194	12		UNC	Cajamarca	Jesus	Yacón	Perú
195	14		UNC	Cajamarca	Jesus	Yacón	Perú
196	15		UNC	Cajamarca	Magna	Yacón	Perú
197	16		UNC	Cajamarca	Magna	Yacón	Perú
198	17		UNC	Cajamarca	Magna	Yacón	Perú
199	18		UNC	Cajamarca	Cajabamba	Yacón	Perú
200	21		UNC	Cajamarca	Cachachi	Yacón	Perú
201	22		UNC	Cajamarca	Cachachi	Yacón	Perú
202	23		UNC	Cajamarca	Cachachi	Yacón	Perú
203	25		UNC	Cajamarca	Cachachi	Yacón	Perú
204	27		UNC	Cajamarca	Cachachi	Yacón	Perú
205	28		UNC	Cajamarca	Cajabamba	Yacón	Perú
206	29		UNC	La Libertad	Huamachuco	Yacón	Perú
207	30		UNC	La Libertad	Huamachuco	Yacón	Perú
208	31		UNC	Cajamarca	Calquis	Yacón	Perú
209	34		UNC	Cajamarca	Cajamarca	Yacón	Perú
210	35		UNC	Cajamarca	Cajamarca	Yacón	Perú
211	36		UNC	Cajamarca	Cajamarca	Yacón	Perú
212	37		UNC	Cajamarca	San Juan	Yacón	Perú
213	38		UNC	Cajamarca	San Juan	Yacón	Perú
214	39		UNC	Cajamarca	San Juan	Yacón	Perú
215	40		UNC	Cajamarca	Baños del Inca	Yacón	Perú
216	41		UNC	Cajamarca	Baños del Inca	Yacón	Perú
217	42		UNC	Cajamarca	Baños del Inca	Yacón	Perú
218	43		UNC	Cajamarca	Baños del Inca	Yacón	Perú
219	44		UNC	Cajamarca	Namora	Yacón	Perú
220	45		UNC	Cajamarca	Namora	Yacón	Perú
221	46		UNC	Cajamarca	Namora	Yacón	Perú
222	47		UNC	Cajamarca	San Silvestre	Yacón	Perú
223	48		UNC	Cajamarca	San miguel	Yacón	Perú
224	49		UNC	Cajamarca	San miguel	Yacón	Perú
225	50		UNC	Cajamarca	Contumaza	Yacón	Perú
226	51		UNC	Cajamarca	Contumaza	Yacón	Perú
227	52		UNC	Cajamarca	Contumaza	Yacón	Perú
228	53		UNC	Cajamarca	Contumaza	Yacón	Perú
229	54		UNC	Cajamarca	San Juan	Yacón	Perú
230	55		UNC	Cajamarca	Asuncion	Yacón	Perú
231	56		UNC	Cajamarca	Asuncion	Yacón	Perú
232	57		UNC	Cajamarca	Asuncion	Yacón	Perú
233	58		UNC	La Libertad	Ucuncha	Yacón	Perú
234	59		UNC	Piura	Ayabaca	Yacón	Perú
235	60		UNC	Piura	Sicchez	Yacón	Perú
236	61		UNC	Piura	Ayabaca	Yacón	Perú
237	62		UNC	Piura	Sicchez	Yacón	Perú
238	63		UNC	Cajamarca	Cajabamba	Yacón	Perú
239	64		UNC	La Libertad	Huamachuco	Yacón	Perú
240	65		UNC	Cajamarca	Cajabamba	Yacón	Perú
241	66		UNC	Cajamarca	San miguel	Yacón	Perú
242	67		UNC	Cajamarca	Bambamarca	Yacón	Perú
243	68		UNC	Cajamarca	Bambamarca	Yacón	Perú
244	69		UNC	Cajamarca	Bambamarca	Yacón	Perú
245	70		UNC	Cajamarca	Bambamarca	Yacón	Perú
246	71		UNC	Cajamarca	Bambamarca	Yacón	Perú
247	72		UNC	Cajamarca	Bambamarca	Yacón	Perú
248	73		UNC	Cajamarca	Contumaza	Yacón	Perú
249	74		UNC	Cajamarca	Cajamarca	Yacón	Perú
250	75		UNC	Cajamarca	Asuncion	Yacón	Perú
251	76		UNC	Cajamarca	Sucre	Yacón	Perú
252	77		UNC	Ancash	Bolognesi	Yacón	Perú
253	78		UNC	Ancash	Yungay	Yacón	Perú
254	79		UNC	Cuzco	Cuzco	Yacón	Perú
255	81		UNC	Ancash	La florida	Yacón	Perú
256	82		UNC	Lima	Yauyos	Yacón	Perú
257	83		UNC	Ancash	Bolognesi	Yacón	Perú
258	84		UNC	Ancash	Carhuaz	Yacón	Perú
259	86		UNC	Apurimac	Andahuaylas	Yacón	Perú
260	87		UNC	Cajamarca	Cajamarca	Yacón	Perú
261	88		UNC	Cajamarca	Chota	Yacón	Perú
262	89		UNC	Cajamarca	Jose Galvez	Yacón	Perú
263	90		UNC	Cajamarca	Bambamarca	Yacón	Perú

264	91		UNC	Ancash	Yungay	Yacón	Perú
265	92		UNC	Ancash	Carhuaz	Yacón	Perú
266	94		UNC	Cajamarca	Jose Galvez	Yacón	Perú
267	95		UNC	Cajamarca	Chota	Yacón	Perú
268	96		UNC	Cajamarca	Bambamarca	Yacón	Perú
269	102		UNC	Cajamarca	Huambos	Yacón	Perú
270	103		UNC	Cajamarca	Querocoto	Yacón	Perú
271	105		UNC	Cajamarca	Chugur	Yacón	Perú
272	106		UNC	La Libertad	Otuzco	Yacón	Perú
273	107		UNC	Cajamarca	Chirinos	Yacón	Perú
274	108		UNC	Cuzco	MachuPicchu	Yacón	Perú
275	109		UNC	Cajamarca	Jaen	Yacón	Perú
276	111		UNC	Amazonas	Chachapoyas	Yacón	Perú
277	116		UNC	Cajamarca	Bambamarca	Yacón	Perú
278	117		UNC	Amazonas	Leimebamba	Yacón	Perú
279	118		UNC	Cajamarca	Jesus	Yacón	Perú
280	119		UNC	Amazonas	Yambrasbamba	Yacón	Perú
281	120		UNC	Amazonas	Yambrasbamba	Yacón	Perú
282	121		UNC	Cajamarca	Chapin	Yacón	Perú
283	122		UNC	Lambayeque	Inkawasi	Yacón	Perú
284	125		UNC	Cajamarca	San Ignacio	Yacón	Perú
285	ZS-Y-001		UNSACC	Cusco	Paruro	Llajon	Perú
286	ZS-Y-003		UNSACC	Cusco	Paruro	Llajon	Perú
287	ZS-Y-004		UNSACC	Cusco	Paruro	Llajon	Perú
288	ZS-Y-005		UNSACC	Apurimac	Aymaraes	Lacumin	Perú
289	ZS-Y-006		UNSACC	-	-	-	Perú
290	ZS-Y-007		UNSACC	Apurimac	Aymaraes	Morado Lacumin	Perú
291	ZS-Y-008		UNSACC	Apurimac	Aymaraes	Lacumin	Perú
292	ZS-Y-009		UNSACC	Apurimac	Andahuaylas	Yacumi	Perú
293	ZS-Y-010		UNSACC	Apurimac	Andahuaylas	Yacumi	Perú
294	ZS-Y-011		UNSACC	Apurimac	Andahuaylas	Yurac Yacumi	Perú
295	ZS-Y-013		UNSACC	Apurimac	Andahuaylas	Yurac Yacumi	Perú
296	ZS-Y-014		UNSACC	Apurimac	Andahuaylas	Q'uello Yacumi	Perú
297	ZS-Y-015		UNSACC	Apurimac	Andahuaylas	Yacumpi	Perú
298	ZS-Y-016		UNSACC	Apurimac	Andahuaylas	Yacumi	Perú
299	ZS-Y-017		UNSACC	Cusco	Quispicanchis	Yacon Blanco	Perú
300	ZS-Y-018		UNSACC	-	-	-	Perú
301	ZS-Y-020		UNSACC	Cusco	Quispicanchis	Yacon Rojo	Perú
302	ZS-Y-021		UNSACC	Cusco	Quispicanchis	Yacon Blanco	Perú
303	ZS-Y-023		UNSACC	Cusco	Quispicanchis	Yacon Blanco	Perú
304	ZS-Y-024		UNSACC	Cusco	Quispicanchis	Yacon Blanco	Perú
305	ZS-Y-026		UNSACC	Cusco	Quispicanchis	Yacon Amarillo	Perú
306	ZS-Y-030		UNSACC	Cusco	Paucartambo	Yacon Rojo	Perú
307	ZS-Y-041		UNSACC	Cusco	Paucartambo	Yacon Blanco	Perú
308	ZS-Y-042		UNSACC	Cusco	Quispicanchis	Yacon Morado	Perú
309	ZS-Y-044		UNSACC	Puno	Carabaya	Yacon Amarillo	Perú
310	ZS-Y-049		UNSACC	Puno	Carabaya	Yacon Rojo	Perú
311	ZS-Y-050		UNSACC	Puno	Carabaya	Yacon Rosado	Perú
312	ZS-Y-052		UNSACC	Puno	Carabaya	Yacon Rosado	Perú
313	ZS-Y-054		UNSAAC	Puno	-	-	Perú
314	ZS-Y-057		UNSACC	-	-	-	Perú
315	ZS-Y-059		UNSACC	Puno	Carabaya	Puka Yacon	Perú
316	ZS-Y-060		UNSACC	Puno	Carabaya	Taruka Yacon	Perú
317	ZS-Y-061		UNSACC	Puno	Carabaya	Telegone	Perú
318	ZS-Y-062		UNSACC	Puno	Carabaya	Morado Yacon	Perú
319	ZS-Y-063		UNSACC	Puno	Carabaya	Yurac Yacon	Perú
320	ZS-Y-066		UNSACC	Puno	Carabaya	Yacon Morado	Perú
321	ZS-Y-067		UNSACC	Puno	Carabaya	Yacon Amarillo	Perú
322	ZS-Y-068		UNSACC	Puno	Carabaya	Yacon Blanco	Perú
323	ZS-Y-071		UNSACC	Puno	Carabaya	Yurac Yacon	Perú
324	ZS-Y-072		UNSACC	Puno	Carabaya	Yacon Blanco	Perú
325	ZS-Y-074		UNSACC	Puno	Carabaya	Tauca Yacon	Perú
326	ZS-Y-075		UNSACC	Cusco	Quispicanchis	Llacon	Perú
327	ZS-Y-077		UNSACC	Cusco	Quispicanchis	Yurac Llacon	Perú
328	ZS-Y-078		UNSACC	Cusco	Quispicanchis	Cheqqche Llacon	Perú
329	ZS-Y-080		UNSACC	-	-	-	Perú
330	ZS-Y-081		UNSACC	Cusco	Quispicanchis	Yurac Llacon	Perú
331	ZS-Y-082		UNSACC	-	-	-	Perú
332	ZS-Y-083		UNSACC	Cusco	Quispicanchis	Cheqqche Llacon	Perú
333	ZS-Y-084		UNSACC	Cusco	Quispicanchis	Cheqqche Llacon	Perú

334	ZS-Y-085		UNSACC	-	-	-	Perú
335	ZS-Y-086		UNSACC	Cusco	Calca	Llacon	Perú
336	ZS-Y-087		UNSACC	Cusco	Calca	Llacon	Perú
337	ZS-Y-088		UNSACC	Cusco	Calca	Llacon Amarillo	Perú
338	ZS-Y-089		UNSACC	Cusco	Calca	Llacon Blanco	Perú
339	ZS-Y-091		UNSACC	-	-	-	Perú
340	ZS-Y-092		UNSACC	-	-	-	Perú
341	ZS-Y-093		UNSACC	Cusco	Urubamba	Monte Llacon	Perú
342	ZS-Y-096		UNSACC	Cusco	Urubamba	Monte Llacon	Perú
343	ZS-Y-097		UNSACC	-	-	-	Perú
344	ZS-Y-100		UNSACC	Cusco	Cusco	Llacon	Perú
345	ZS-Y-101		UNSACC	-	-	-	Perú
346	ZS-Y-103		UNSACC	Cusco	Cusco	Yacon	Perú
347	SS 001		UNSCH	Ayacucho*	-	Yacón	Perú
348	SS 002		UNSCH	Ayacucho*	-	Yacón	Perú
349	SS 004		UNSCH	Ayacucho*	-	Yacón	Perú
350	SS 005		UNSCH	Ayacucho*	-	Yacón	Perú
351	SS 006		UNSCH	Ayacucho*	-	Yacón	Perú
352	SS 008		UNSCH	Ayacucho*	-	Yacón	Perú
353	SS 009		UNSCH	Ayacucho*	-	Yacón	Perú
354	SS 010		UNSCH	Ayacucho*	-	Yacón	Perú
355	SS 011		UNSCH	Ayacucho*	-	Yacón	Perú
356	SS 012		UNSCH	Ayacucho*	-	Yacón	Perú
357	SS 013		UNSCH	Ayacucho*	-	Yacón	Perú
358	SS014		UNSCH	Ayacucho*	-	-	Perú
359	SS015		UNSCH	Ayacucho*	-	-	Perú

ANEXO 2: Lista y detalles de los Protocolos de AFLP. El protocolo esta basado en Vos *et al.* (1995) y optimizado para usar todos los reactivos en el CIP.

A Digestión

Reactivo	1Rx (μL)
Tampón de Restriction (5X)	8
Cloruro de Sodio (0.5M)	4
Suero Albúmina Bovino (10 mg/mL)	0.4
<i>Mse I</i> NEB (10 U/L)	0.5
<i>Eco RI</i> NEB (20 U/L)	0.25
ADN	500 ng
Agua libre de nucleasas	Up to 40 μL

Incubar por 3h a 37°C. No inactivar la enzima de restricción

B. Ligación

Reactivo	1Rx (μL)
T4 Tampón de ligación NEB (10X)	2
Cloruro de Sodio (0.5M)	1
ATP (10 mM)	1
Suero Albúmina Bovino (10 mg/mL)	0.1
Adaptador <i>Mse</i> (50 μM)	1
Adaptador <i>Eco</i> (5 μM)	1
T4 DNA ligasa NEB (2000 U/μL)	0.035
Agua libre de nucleasas	Up to 10 μL

Incubar toda la noche (16h)
A temperatura ambiente (20 – 25°C)

C. Amplificación Preselectiva

Reactivo	1Rx (μL)
Tampón de PCR 10X	2.5
Desoxiribonucleotidos (5 mM)	1.25
Iniciador E-00 (50ng/μL)	1
Iniciador M-00 (50ng/μL)	1
<i>Taq</i> polimerasa N (1:2)	0.1
Producto de Digestión-ligación diluido (1:4)	5
Agua libre de nucleasas	Up to 25 μL

D. Amplificación Selectiva

Reactivo	1Rx (μL)
Tampón de PCR 10X	1.1
Desoxiribonucleotidos (5 mM)	0.6
Iniciador E+3 (50ng/uL)	2
Iniciador M+3 (50ng/uL)	0.3
<i>Taq</i> polimerasa P (1:4)	0.16
Producto de Preamplificación diluido (1:10)	5
Agua libre de nucleasas	Up to 10 μL

Usar tampón T₁₀E_{0.1} para las diluciones. Los rangos de dilución pueden ser modificados de acuerdo a la intensidad de las bandas.

PCR- Reacción de la Cadena Polimerasa

Las condiciones PCR para los marcadores AFLP tienen dos diferentes programas llamados Pre-amplificación y Amplificación Selectiva:

Pre-amplificación:

1° paso	1 ciclo de	94°C por 4 minutos
2° paso	20 ciclo de	94°C por 30 segundos 56°C por 30 segundos 72°C por 60 segundos
3° paso	1 ciclo de	72°C por 4 minutos

Amplificación Selectiva:

1° paso	1 ciclo de	94°C por 4 minutos
2° paso	11 ciclo de	94°C por 20 segundos 66°C por 30 segundos (-1°C por ciclo) 72°C por 2 minutos
3° paso	20 ciclo de	94°C por 20 segundos 56°C por 30 segundos 72°C por 2 minutos
4° paso	1 ciclo de	72°C por 4 minutos

ANEXO 3: Lista de descriptores de yacón. (Arbizu, et al., 2001).

DESCRIPTORES PARA YACON (2001)

- 1. Color predominante de tallos**
 - 1 Verde amarillento
 - 2 Púrpura grisáceo claro
 - 3 Púrpura grisáceo oscuro
- 2. Color secundario de tallos y su distribución**
 - 0 Ausente
 - 1 Verde amarillento en nudos
 - 2 Purpura en nudos y entrenudos
- 3. Ramificación de tallos**
 - 0 Ausente
 - 1 Predominantemente apical
 - 2 Predominantemente basal
 - 3 A través de todo el tallo
- 4. Color de follaje**
 - 1 Verde amarillento
 - 2 Verde
 - 3 Verde con pigmentacion purpura grisaceo o marron
- 5. Pigmentacion de la nervadura (envez)**
 - 0 Ausente
 - 1 Presente
- 6. Pigmentacion de la hoja apical**
 - 0 Ausente
 - 1 Presente
- 7. Forma de la lámina y base**
 - 1 Deltoidea - Truncada
 - 2 Cordada - Lobada
 - 3 Triangular - Hastada
 - 4 Triangular - Sub hastada
- 8. Borde de la lámina**
 - 1 Crenado
 - 2 Dentado
 - 3 Doblemente dentado
- 9. Hábito de floración**
 - 0 Ninguna
 - 3 Escasa
 - 5 Moderada
 - 7 Abundante
- 10. Color de las flores liguladas**
 - 1 Amarillo oscuro
 - 2 Amarillo naranja
- 11. Forma de la flor ligulada**
 - 1 Ovada
 - 2 Oblongo

- 3 Elíptico
- 12. Número de dientes de las flores liguladas**
- 0 Ausente
 - 1 Bidentado
 - 2 Tridentado
- 13. Producción de semilla**
- 0 Ausente
 - 1 Presente
- 14. Color de la superficie de la raíz reservante**
- 1 Amarillo claro
 - 2 Púrpura grisáceo claro
 - 3 Púrpura grisáceo oscuro
 - 4 Azul violeta
- 15. Color de la pulpa de la raíz reservante**
- 1 Blanco
 - 2 Blanco amarillento
 - 3 Blanco amarillento con moteaduras irregulares purpura rojizo
 - 4 Blanco amarillento con moteaduras irregulares púrpura grisáceo oscuro
 - 5 Amarillo claro
 - 6 Amarillo naranja
 - 7 Naranja claro
- 16. Tendencia a formar hendiduras en las raíces reservantes**
- 0 Ausente
 - 1 Presente
- 17. Color de los propágulos**
- 1 Blanco
 - 2 Blanco con rojo purpúreo
 - 3 Rojo purpúreo con blanco
 - 4 Rojo purpúreo
 - 5 Púrpura grisáceo oscuro
 - 6 Azul violeta