

Tesis Doctoral

Caracterización de la diversidad genética de razas nativas de maíz (*Zea mays ssp mays*) del Noroeste Argentino mediante descriptores morfométricos y marcadores moleculares

Rivas, Juan Gabriel

2015-11-13

Este documento forma parte de la colección de tesis doctorales y de maestría de la Biblioteca Central Dr. Luis Federico Leloir, disponible en digital.bl.fcen.uba.ar. Su utilización debe ser acompañada por la cita bibliográfica con reconocimiento de la fuente.

This document is part of the doctoral theses collection of the Central Library Dr. Luis Federico Leloir, available in digital.bl.fcen.uba.ar. It should be used accompanied by the corresponding citation acknowledging the source.

Cita tipo APA:

Rivas, Juan Gabriel. (2015-11-13). Caracterización de la diversidad genética de razas nativas de maíz (*Zea mays ssp mays*) del Noroeste Argentino mediante descriptores morfométricos y marcadores moleculares. Facultad de Ciencias Exactas y Naturales. Universidad de Buenos Aires.

Cita tipo Chicago:

Rivas, Juan Gabriel. "Caracterización de la diversidad genética de razas nativas de maíz (*Zea mays ssp mays*) del Noroeste Argentino mediante descriptores morfométricos y marcadores moleculares". Facultad de Ciencias Exactas y Naturales. Universidad de Buenos Aires. 2015-11-13.



UNIVERSIDAD DE BUENOS AIRES
Facultad de Ciencias Exactas y Naturales

“Caracterización de la diversidad genética de razas nativas de maíz (*Zea mays ssp mays*) del Noroeste Argentino mediante descriptores morfométricos y marcadores moleculares”.

Tesis presentada para optar al título de Doctor
de la Universidad de Buenos Aires en el área Ciencias Biológicas

Lic. Juan Gabriel Rivas

Director de Tesis: Dra. Norma B. Paniago

Director Asistente: Dra. Verónica V. Lia

Consejero de Estudios: Dr. H. Esteban Hopp

Instituto de Biotecnología
CICVyA, INTA Castelar
Buenos Aires, 2015

“Caracterización de la diversidad genética de razas nativas de maíz (*Zea mays ssp mays*) del Noroeste Argentino mediante descriptores morfométricos y marcadores moleculares”

Resumen

El maíz, *Zea mays ssp. mays*, es uno de los cereales más importantes en el mundo, se utiliza tanto como suministro alimenticio para los seres humanos y los animales; así como materia prima básica para la producción de almidón, aceite, proteínas, bebidas alcohólicas, edulcorantes y combustibles. El cultivo de maíz, tanto comercial como nativo, abarca casi la totalidad de América y su amplia diversidad da cuenta de la variabilidad genética del mismo. En la Argentina, la región noroeste (NOA) ha sido considerada centro local de diversidad del cultivo debido al elevado número de razas de maíz propias del lugar. Estudios previos en esta región proponen que las razas nativas representarían una excelente fuente de diversidad aún inexplorada. Debido a la necesidad de profundizar en el conocimiento de la variabilidad de las razas nativas del NOA y su dinámica poblacional, en el presente trabajo de tesis se analizaron 50 entradas de maíz del NOA, pertenecientes al Banco Activo de Germoplasma de INTA Pergamino. Los materiales provenientes de la zona de los Valles (40 entradas) fueron analizados mediante caracteres morfológicos y marcadores moleculares (*SSR*), mientras que los correspondientes a la zona de Yungas (10 entradas) solo fueron estudiados utilizando marcadores moleculares.

Desde el punto de vista morfológico, la evaluación de caracteres cuantitativos en las razas de maíz de los Valles permitió delimitar dos grandes grupos independientemente del método de análisis. Por el contrario, los grupos hallados en base al estudio de caracteres cualitativos resultaron distintos según derivaran de métodos de agrupamiento u ordenación, sin coincidir tampoco con los hallados para los caracteres cuantitativos. Una observación común a ambos conjuntos de datos fue la falta de cohesión entre aquellas entradas asignadas a la misma raza en base a la identificación previa del Banco.

Desde el enfoque de la variabilidad molecular, a pesar de pertenecer a una región alejada del centro de origen del maíz, las razas nativas del NOA presentaron niveles de diversidad levemente menores a los reportados para maíces Mejjicanos y superiores a los encontrados en otras regiones de América o Europa. El análisis de estructura poblacional,

reveló la existencia de dos grupos genéticos principales asociados a la altitud de cultivo. El primero de ellos incluye a materiales cultivados hasta los 1990 msnm (grupo del bajo), en tanto que el segundo está constituido por maíces cultivados por encima de los 2000 msnm (grupo del alto). El análisis de la varianza molecular demostró la existencia de diferenciación genética significativa, aunque moderada, entre ambos grupos. Por otro lado, los índices de diversidad y riqueza alélica exhibieron un patrón de disminución en función del aumento de la altitud. La comparación de las entradas de los Valles con las entradas de las Yungas mostró que estas últimas estarían asociadas con los maíces del bajo.

La diferenciación entre grupos y los menores valores de diversidad observados para los maíces del alto podrían ser consecuencia de la co-existencia de germoplasma de distinto origen histórico o de una mayor influencia de la deriva genética en los maíces del alto, debido a la merma en el número de individuos que llegan a la madurez reproductiva, sea por malas condiciones climáticas o por la poca superficie cultivable en condiciones de altura.

En conclusión, los resultados del presente trabajo ponen de manifiesto la gran variabilidad morfológica y molecular de las razas nativas del NOA conservadas en el Banco Activo de Germoplasma INTA Pergamino, destacando su potencial como fuente de diversidad para ampliar la base genética de los programas de mejoramiento y aportando información útil para orientar futuros esfuerzos de recolección y conservación.

Palabras clave: maíz, razas nativas, variabilidad morfológica, diversidad genética, variación clinal, conservación.

"Characterization of the genetic diversity of maize landraces (*Zea mays ssp mays*) from Northwestern Argentina by morphometric descriptors and molecular markers"

ABSTRACT

Maize, *Zea mays ssp. mays*, is one of the most important cereal crops in the world. It is used both as a food supply for humans and animals as well as basic raw material for the production of starch, oil and protein, alcoholic beverages, sweeteners and fuels. The cultivation of maize, either commercial or native, covers nearly all of America and its wide morphological variation reveals its genetic variability. The northwest region of Argentina (NWA) has been considered a local center of maize diversity because of the large number of landraces present in this particular area. Previous studies in this region, suggest that native maize represent an excellent source of unexplored diversity. Because of the need to understand the variability of the native races present in NOA, as well as their population dynamics, in this thesis, we analyzed 50 landrace accessions from NWA belonging to Active Germplasm Bank INTA Pergamino. The accessions coming from the area of the Valleys (40 accessions) were analyzed using morphological and molecular markers (*SSR*), whereas the Yunga's landraces (10 accessions) were studied using molecular markers only.

From the morphological point of view, the evaluation of quantitative traits in maize races from the Valleys allowed us to define two groups, regardless of the analysis method. Conversely, the groups found based on the study of qualitative traits depended on the clustering method used. Both data sets showed lack of cohesion between accessions assigned to the same race based on prior identification of the Germplasm Bank.

From the perspective of molecular variability, despite belonging to the southernmost area of maize cultivation, landraces of NWA had slightly lower levels of diversity than those reported for Mexican maize and higher than those from other regions of America or Europe. The analysis of population structure revealed the existence of two main genetic groups associated with the altitude of sowing. The first group includes materials that are grown between 1100 to 1990 m (lowland group), whereas the second consists of maize populations that are grown above 2000 m (highland group). Although moderate, the analysis of molecular variance showed the existence of significant genetic differentiation between groups. Moreover, rates of allelic diversity and richness patterns

exhibited a decrease in function of increasing altitude. A comparison between accessions from valleys against those from Yunga showed that the latter are associated with the lowland group.

The differentiation between groups and the lowest values of diversity observed for maize from the highlands could result from the co-existence of germplasm of different historical origin or from a greater influence of genetic drift in highland maize. This could be explained due to the decline in the number of individuals who reach reproductive maturity, either because of more stringent climatic conditions or the little arable land in high altitude conditions.

In conclusion, the results of this study show that the native maize races of NWA preserved in the Germplasm Bank INTA Pergamino have great morphological and molecular variability. This finding highlights its potential as a source of diversity for increasing the genetic basis of breeding programs and provides useful information to guide future sampling and conservation efforts.

Keywords: maize landraces, morphological variability, genetic diversity, clinal variation, conservation.

ÍNDICE

ÍNDICE.....	6
INTRODUCCIÓN.....	9
I.1. El Maíz: Una breve presentación	9
I.2. Importancia y usos	10
I.3. Origen y dispersión	11
I.4. Estudios de variabilidad en razas nativas de maíz de Argentina.....	15
I.5. Conservación de recursos genéticos.....	18
I.7. Marcadores moleculares como herramientas para la conservación	21
HIPÓTESIS Y OBJETIVOS	23
Hipótesis de trabajo	23
Objetivos General	23
Objetivos Específicos	24
MATERIALES Y MÉTODOS	25
M.1. Material Vegetal.....	25
M.2. Variabilidad Fenotípica.....	29
M.2.1. Análisis de Componentes y Coordenadas Principales	32
M.2.2. Análisis de Conglomerados	33
M.3. Genotipificación de <i>loci</i> SSR.....	34
M.3.1. Selección de Loci	34
M.3.2. Extracción de ADN Genómico total	35
M.3.3. Cuantificación del ADN.....	35
M.3.4. Amplificación por PCR.....	37
M.3.5. Visualización de los productos de Amplificación	38
M.4. Análisis de Variabilidad Genética	38
M.4.1. Cálculo de frecuencias alélicas	38
M.4.2. Índices de diversidad genética	38
M.4.3. Visualización espacial de la diversidad	39
M.5. Diferenciación y Estructura Poblacional.....	40
M.5.1. Equilibrio de Hardy-Weinberg	40
M.5.2. Elección del modelo de diferenciación poblacional	40
M.5.3. Análisis Bayesiano.....	42
M.5.4. Análisis Discriminante de Componentes Principales	43
M.5.5. Análisis de Varianza Molecular (AMOVA)	45
M.6. Análisis de correlación entre diferenciación genética y variables geográficas.....	45
M.7. Análisis de Agrupamiento.....	46
M.8. Estudio Conjunto de Datos Agronómicos y Moleculares.....	46
RESULTADOS	48
Maíces de los Valles	48
R.1. Evaluación de la Variabilidad Fenotípica	48
R.1.2. Análisis de caracteres cuantitativos	48
R.1.2.1. Análisis de Componentes Principales (ACP)	51
R.1.2.2. Análisis de Conglomerados	54
R.1.3. Análisis de caracteres cualitativos	57
R.1.3.1. Análisis de Coordenadas Principales (ACooP)	57
R.1.3.2. Análisis de Conglomerados	58
R.1.4. Análisis conjunto de variables cuantitativas y cualitativas.....	61
R.2. Variabilidad Molecular	64

R.2.1. Estimaciones de Diversidad.....	64
R.2.2. Alelos exclusivos	69
R.3. Estructura poblacional	70
R.3.1. Equilibrio de Hardy-Weinberg	70
R.3.2. Estudio de diferenciación genética	72
R.3.3. Aislamiento por distancia	74
R.3.4. Método bayesiano para el análisis de la estructura poblacional	75
R.3.5. Análisis Discriminante de Componentes Principales (ADCP).....	82
R.3.6. Análisis Molecular de la Varianza (AMOVA) y diversidad genética en los grupos resultantes del estudio de estructura poblacional	91
R.4. Análisis de Agrupamiento	93
R.5. Análisis Conjunto de caracteres morfológicos y moleculares	98
Maíces de las Yungas.....	102
R.6. Variabilidad Molecular	102
R7. Análisis Bayesiano de la estructura poblacional.....	103
R.8. Análisis Discriminante de Componentes Principales (ADCP).....	104
Maíces de Valles y Yungas.....	109
R.9. Análisis Conjunto de los maíces de los Valles y de las Yungas.....	109
DISCUSIÓN.....	115
D.1 Variabilidad morfológica de los maíces de los Valles.....	116
D.2. Variabilidad molecular de los maíces de los Valles	122
D.2.1. Estudio de los niveles de diversidad.....	123
D.2.2. Distribución de la variabilidad genética	125
D.2.3. Inferencia de grupos genéticos y su relación con la altitud.....	129
D.2.4. Maíces de los Valles y su relación con el germoplasma de América.....	132
D.3. Variabilidad molecular de los maíces de las Yungas	134
D4. Consideraciones finales	135
CONCLUSIONES.....	137
BIBLIOGRAFÍA	138
APÉNDICE	151
Análisis morfológico	151
Descripción de los caracteres morfológicos analizados	151
Caracteres cuantitativos.....	151
Caracteres cualitativos.....	152
Protocolos	154
Protocolo 1. Desinfección superficial de semillas.....	154
Protocolo 2. Extracción de ADN-Método de Dellaporta <i>et al.</i> , (1983) con modificaciones menores	155
Protocolo 3. Electroforesis capilar	155
Criterios para definir un alelo en base a las configuraciones detectadas mediante Genemapper 4.0:.....	156
Tabla de valores de caracteres morfológicos cuantitativos por entrada	158
Tabla de valores de caracteres morfológicos cualitativos por entrada	161
Tabla de distancia euclídea consenso entre caracteres morfológicos cuantitativos y cualitativos.....	162
Tabla de diversidad genética para 40 entradas de maíz pertenecientes a los Valles y 22 SSR.....	163
Análisis de estructura bayesiano para maíces del Valle estimaciones de probabilidad.....	168
Análisis de Varianza molecular.....	170
Análisis de estructura bayesiana para maíces de Yungas.....	172

Análisis de estructura bayesiana conjunto de maíces de los Valles y Yunga 174

INTRODUCCIÓN

I.1. El Maíz: Una breve presentación

El maíz, *Zea mays* ssp. *mays*, pertenece a la familia Poaceae, tribu Maydeae, y es la única especie cultivada dentro del género *Zea* (Iltis y Doebley, 1980). Esta especie, como la mayoría de los integrantes del género, presenta 20 cromosomas ($2n= 20$) y es considerada un alopoliploide con un número básico igual a 5 ($x= 5$) (Naranjo *et al.*, 1994; Moore *et al.*, 1995; Gaut y Doebley, 1997). Sus plantas son diclino-monoicas dado que los dos sexos que conforman una flor completa se hallan separados, pero en el mismo pie. La inflorescencia masculina es una panoja laxa y apical, mientras que la femenina es una espiga compuesta y axilar (Parodi, 1972).

Hoy, el maíz es uno de los cultivos de grano alimenticio de mayor consumo a nivel mundial y, además, uno de los más antiguos que se conoce (Doebley, 2004). La mazorca del maíz, que puede llegar a presentar hasta más de 500 granos, es la característica morfológica que distingue a la especie de sus parientes silvestres (teosintes), y del resto de las gramíneas (Figura I1). Los granos carecen de protección encontrándose desnudos, lo que hace que sean fácilmente alcanzados y comidos por los predadores. Además, éstos están fuertemente unidos al marlo y la mazorca no se desarticula lo que hace que la dispersión sea altamente ineficiente, generando que caigan cerca de la planta madre y germinen uno muy cerca del otro, produciéndose competencia por espacio, luz, agua y cualquier otra clase de recurso. Por lo tanto, debido a estas características que hacen único al maíz, el mismo no podría sobrevivir de forma silvestre siendo totalmente dependiente del cuidado del hombre para subsistir (Doebley, 2004).



Figura 11. **Fenotipos del maíz y teosintes:** teosinte con múltiples ramas largas junto con su espiga (izquierda) y una planta de maíz, con un único tallo y sin ramas junto a su espiga o mazorca (derecha). Nótese que los granos en la espiga del teosinte se encuentran encapsulados, mientras los granos en la mazorca del maíz se encuentran desnudos. Imágenes tomadas de *The Molecular Genetics of Crop Domestication* (Doebley *et al.*, 2006).

I.2. Importancia y usos

La importancia del cultivo de maíz se pone de manifiesto cuando se cuantifica la cantidad de toneladas producidas y los diferentes usos que se le dan al mismo. La producción de maíz ha aumentado de forma sostenida en los últimos años, en 2008 la producción alcanzó los 822 millones de toneladas, en 2011 aumentó a 845 (www.maizar.org.ar), llegando en 2014 a los 997 millones de toneladas (www.igc.int, 2014). Asimismo, el ritmo de consumo acompaña al de la producción, alcanzando a nivel mundial para el período 2013-2014 la cifra de 951 millones de toneladas (www.igc.int, 2014). El uso del maíz es muy variado y va desde la alimentación humana y animal (ganado vacuno, porcino y aves de corral) a ser utilizado industrialmente para la extracción de almidón, dextrina, azúcar, aceite, furfural, acetona y alcohol entre otros. Más recientemente, el maíz ha comenzado a utilizarse en la generación de etanol para biocombustibles, el cual es adicionado a las naftas.

En América, el maíz ha sido el cereal más importante para la alimentación humana durante cientos de años, utilizado generalmente, en forma de harina. En particular, en la Argentina la producción de maíz ha aumentado de forma significativa desde 1969, los

datos muestran que desde la campaña 1969/1970 hasta la campaña 2013/2014 el aumento fue de 350%, pasando de, 9,4 millones de toneladas a 33 millones de toneladas (www.siiia.gob.ar/series). Asimismo, sumado a su valor alimentario, para muchos pueblos originarios americanos, y en particular para aquellos del Noroeste Argentino, el maíz tiene importancia religiosa y cultural, ya que protagoniza gran parte de las celebraciones rituales y religiosas de la región. La planta es tácitamente considerada sagrada, y, en cierta forma representa el legado (y su materialización física) de la Pachamama a los hombres (Abarza *et al.*, 2004; Hilgert, 2004).

I.3. Origen y dispersión

Diversas hipótesis han sido propuestas en relación al origen evolutivo del maíz, Wilkes (1979) y Wilkes y Goodman (1995) han resumido en forma de diagrama cuatro posibles modelos de evolución (Figura I2). Estos son: A-) evolución del maíz moderno a partir de un maíz silvestre; B-) separación del maíz y el teosinte, originados ambos en un ancestro común, separándose durante el proceso evolutivo C-) progresión de teosinte a maíz y D-) hibridación, habiéndose originado el maíz como un híbrido entre teosinte y una gramínea desconocida.

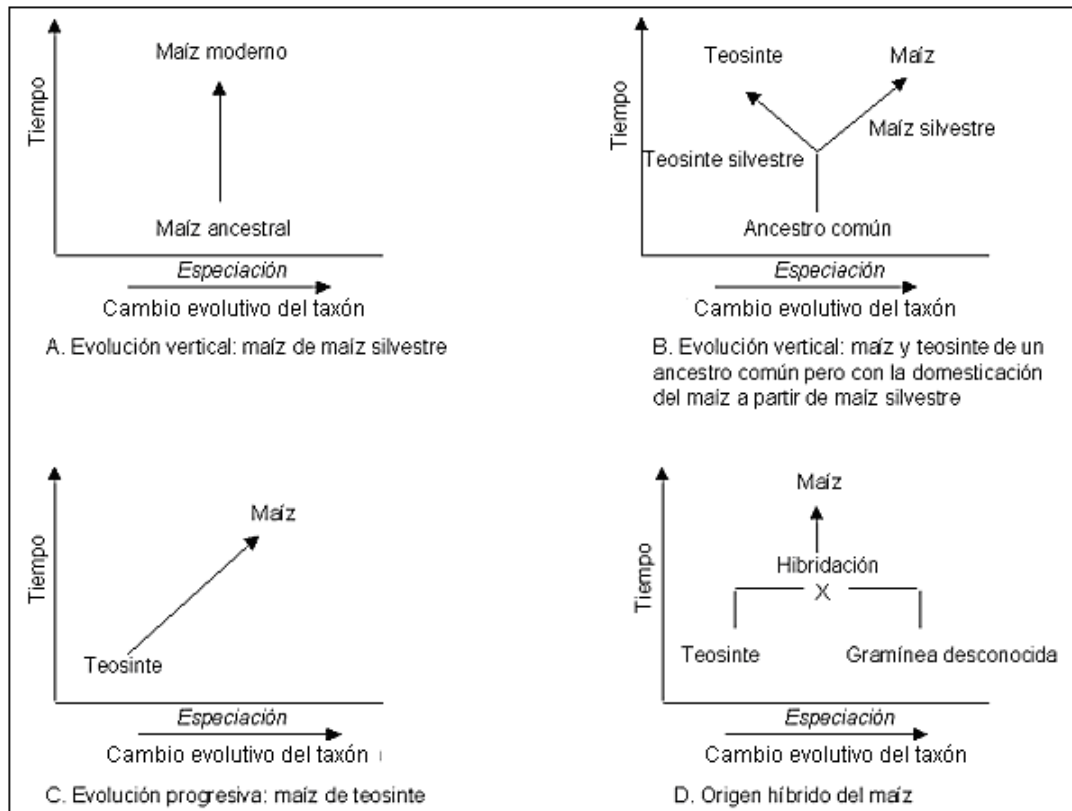


Figura I2: **Evolución del maíz.** Esquemas que resumen las diferentes hipótesis acerca del posible origen del maíz. Fuente: adaptado de Wilkes and Goodman, 1995.

En la actualidad, la hipótesis más aceptada sobre el origen del maíz es la hipótesis del teosinte (Beadle, 1932; Doebley, 1990; Matsuoka *et al.*, 2002a) y propone al teosinte *Zea mays* subsp. *parviglumis* como único progenitor del maíz, datando su domesticación hace unos 8700 años antes del presente (AP) (Piperno *et al.*, 2009; Ranere *et al.*, 2009). Esta hipótesis también propone un lugar geográfico para dicho evento, el maíz tendría su origen en el Sudoeste Mejicano en las zonas del valle del río Balsas y desde allí, habría sido introducido, posteriormente, al resto de América.

En 2008, Vigouroux *et al.*, propusieron que el maíz fue introducido en América del Sur por dos rutas distintas (Figura I3). La primera de estas vías de dispersión del maíz por América Sur iría desde las tierras bajas tropicales de Méjico, llegando a Guatemala, Colombia y Venezuela, dirigiéndose luego al sur por los Andes, hasta llegar al norte de Chile y Argentina. En particular, en la región noroeste de Argentina el maíz habría ingresado desde la meseta Peruano-Boliviana, a través de la Quebrada de Humahuaca (Defacio, 2009). La segunda de estas vías, es la ruta costera del noreste que comienza en el norte de América del Sur dirigiéndose al sur por Brasil, llegando incluso a la región Noreste de Argentina, donde los maíces producto de esta introducción seguirían

cultivándose hasta la fecha. Paralelamente, la zona del Caribe se pobló desde el Norte de América del Sur a través de Trinidad y Tobago. Evidencias obtenidas a partir del estudio de estructuras silíceas presentes en los tejidos vegetales (fitolitos), datarían la dispersión del maíz hacia América del Sur hace unos 7.000 años (Piperno y Pearsall, 1998).

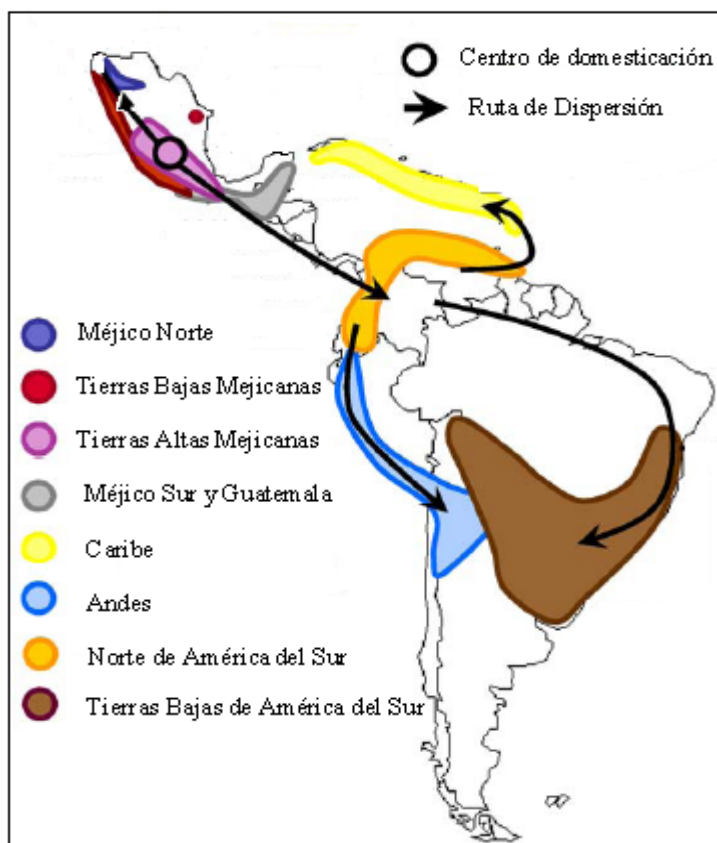


Figura I3. **Dispersión del maíz en América del Sur.** Las flechas muestran las rutas propuestas para la entrada del maíz en Centro y Sur América desde su centro de origen. El mapa está basado en los resultados de Vigouroux *et al.* (2008) y adaptado de Tenaillon *et al.* (2011).

Actualmente, más de 300 razas han sido descritas en el Continente Americano, en su mayoría provenientes de México y la región Andoperuana, las cuales son las zonas de mayor diversidad. Esta gran variabilidad de razas fue abordada y estudiada por investigadores pertenecientes a diferentes disciplinas. Los primeros trabajos se basaron en la clasificación y estudio de la variabilidad utilizando caracteres morfológicos, entre ellos pueden citarse los llevados adelante por Anderson (1943, 1947), Cutler (1946) y Brown (1947), que trataron de delimitar y clasificar razas de maíz en México, Centro y Sur América y parte de América del Norte.

La mayor dificultad en la clasificación e individualización de razas utilizando caracteres morfológicos estriba principalmente en el efecto del medio ambiente sobre dichos caracteres. Uno de los primeros trabajos en maíz que se abocó a la tarea de analizar este fenómeno fue llevado adelante por Edwards (1966), en el cual aplicó un mismo sistema de clasificación en dos ambientes diferentes. Edwards concluyó que a pesar de encontrar inconsistencias, las mismas eran resultado de la variabilidad genética propia de los maíces analizados. Contrariamente, Goodman y Paterniani (1969) utilizando muchos de los caracteres utilizados por Edwards concluyeron que el ambiente afecta a los caracteres vegetativos mientras que caracteres de mazorca y grano son mucho menos afectados y representarían de forma más “natural” las diferencias entre razas. Posteriormente, utilizando taxonomía numérica Goodman y McK Bird (1977) estudiaron varias de las colecciones de Centro y Sur América determinando con mayor precisión las relaciones interraciales de los maíces de la región.

Desde el punto de vista citogenético, ya desde 1955 fue generándose gran cantidad de información proveniente de estudios de composición cromosómica en razas de maíz. Los componentes cromosómicos más estudiados fueron: cromosomas B, heterocromatina (nudos o “*knobs*” visibles durante la meiosis) y anormalidades en el cromosoma 10, asociando la frecuencia de aparición de estas características con su localización geográfica. Uno de los trabajos más importantes en ésta área fue llevado adelante por McClintock *et al.* (1981), estudiando en particular las diferencias en “*knobs*” presentes en maíces del Caribe, Sur, Centro y Norte de América. Los resultados de este trabajo dieron un importante apoyo a la hipótesis sobre el origen y evolución del maíz a partir de los teosintes mejicanos; según McClintock “existen buenas razones para considerar que el maíz, como lo conocemos hoy, evolucionó inicialmente a partir de teosintes que probablemente estaban localizados en una zona específica de Méjico y que posteriormente fue influenciado por otros localizados en áreas entre el centro y el suroeste de Méjico”.

Con el desarrollo de las técnicas isoenzimáticas se avanzó y se profundizó en el conocimiento de las relaciones y la diversidad genética de las razas nativas maíz. Doebley *et al.* (1985) reportaron niveles muy altos de variabilidad entre y dentro de 34 razas originarias de Méjico, mientras que dicha variabilidad fue mayor en el norte que en la región sur y la misma estaba influenciada por la altura. A nivel continental Sánchez *et al.* (2000) utilizó la diversidad isoenzimática de 23 *loci* génicos pertenecientes a más de 300 razas de maíz. En este estudio, que se centró en la diversidad genética más que en las relaciones filogenéticas y la historia de la dispersión, se estableció que la diversidad alélica

se concentraba en Mesoamérica, y que la heterocigosis esperada era menor para las razas Andinas.

En años más recientes la utilización de marcadores moleculares basados en la técnica de reacción en cadena de la polimerasa o PCR (del inglés *Polymerase Chain Reaction*) se generalizó para el estudio de diversidad genética y trabajos evolutivos. Trabajos como los de Smith *et al.* (1997) mostraron las ventajas de los marcadores microsatélites o *SSR* (del inglés *Short Sequence Repeat*) sobre los polimorfismos en la longitud de los fragmentos de restricción o *RFLP* (del inglés *Restriction Fragment Length Polymorphism*) en la caracterización e identificación de germoplasma de maíz.

Mediante la utilización de marcadores *SSR*, Matsuoka *et al.* (2002a,b) analizaron las relaciones entre poblaciones de teosintes y 193 razas de maíces cuyo rango de distribución cubría todo el área pre-colonial para la especie. Sus resultados mostraron, que los marcadores *SSR* son de gran utilidad en el estudio filogeográfico dentro del género *Zea* y que la gran variabilidad genética detectada por los mismos, tanto en teosintes como en las poblaciones de maíz es elevada y consistente con la teoría de teosinte como ancestro del maíz moderno. Asimismo, Vigouroux *et al.* (2008) analizando casi todas las razas conocidas de maíz en un trabajo a nivel continental establecieron, mediante el uso de marcadores *SSR*, que las razas de maíz americanas conformaban cuatro grupos principales. Los investigadores denominaron a los grupos: razas de las Tierras altas Mejicanas, razas del Norte de Estados Unidos, razas de las Tierras bajas Tropicales y razas Andinas, proponiendo que el aislamiento por distancia sería el principal factor de la diversificación histórica de maíz y señalando a Méjico y a la región Andina como las principales fuentes de diversidad para el mejoramiento de las líneas elite de maíz. Del mismo modo, pero a una escala más pequeña diversos trabajos mostraron la utilidad de los *SSR* para establecer el grado de variabilidad y diferenciación entre razas y líneas de maíz (Warburton *et al.*, 2002; Warburton *et al.*, 2008).

I.4. Estudios de variabilidad en razas nativas de maíz de Argentina

La región norte de la Argentina es una de las zonas más australes de cultivo de razas nativas de maíz. Como se mencionó previamente, este área puede dividirse en dos vastas regiones que coinciden con los centros de agricultura prehispánica reconocidos por Vavilov (1926): (a) el Altiplano, o la región correspondiente al del Noroeste Argentino

(NOA), donde se cultivan principalmente los maíces descendientes de las razas ando-peruanas; y (b) la llanura mesopotámica-chaqueña, o Noreste Argentino (NEA), cuyas razas son más afines a las de la región guaraníca o austro-brasileña.

La variabilidad de los maíces nativos de Argentina ha sido estudiada por diferentes disciplinas y desde distintos enfoques, con distintos niveles de profundidad. Una muy breve reseña de estos estudios y de sus principales resultados se esboza a continuación.

Los primeros esfuerzos en describir y clasificar la variabilidad de las razas nativas de maíz de Argentina estuvieron a cargo de Holmberg (1904), Marino (1934) y Parodi (1947), utilizando para esto caracteres morfométricos. En el año 1980 la gran diversidad morfológica de los materiales autóctonos de la Argentina fue puesta de manifiesto por Torregrosa *et al.* en su “Clasificación preliminar de formas raciales de maíz y su distribución geográfica en la República Argentina”. Años más tarde, considerando caracteres asociados a las hileras de granos, al grano y al marlo, Cámara Hernández y Miente Alzogaray (1997) fueron capaces de identificar 56 formas raciales para nuestro país, 28 de las cuáles son características del NOA (Cámara Hernández *et al.*, 2012). Posteriormente, Melchiorre *et al.* (1992, 2004) trabajando con materiales provenientes de Catamarca y Salta concluyeron que los caracteres discriminantes más importantes entre razas podían separarse en; 1) vegetativos: altura de planta y número de hojas; 2) fenológicos: tiempo de floración y 3) reproductivos: peso, ancho y tamaño de grano. De esta manera, aportaron un mayor grado de entendimiento a las relaciones entre razas nativas.

Desde el punto de vista citogenético, las diferencias en la constitución cromosómica de las razas nativas son también un indicador de su potencial como fuentes de variabilidad. Los estudios citológicos realizados hasta el momento han demostrado la existencia de polimorfismos numéricos para cromosomas supernumerarios (cromosomas B) y de variación en el contenido de heterocromatina de los cromosomas del complemento regular (nudos o “*knobs*”). El género *Zea* muestra una variación del contenido de ADN entre las especies, subespecies y líneas. Muchos estudios sobre la distribución y frecuencia de “*knobs*” y cromosomas B en diversos organismos, incluyendo al maíz, han demostrado que estas características del cariotipo a menudo presentan una estrecha correlación con variables ambientales como por ejemplo altitud (Rosato *et al.*, 1998). Teniendo en cuenta estas relaciones, Poggio *et al.* (1998), analizaron un conjunto de 21 poblaciones del NOA, las cuales se localizaban entre los 80 y los 3620 metros sobre el nivel del mar. Los autores del trabajo concluyeron que, el contenido de ADN del complemento regular y el número

de bandas de heterocromatina disminuían con el aumento de la altura, mientras, que una relación inversa ocurría entre el número medio de cromosomas B y el gradiente altitudinal, esto es, a mayor altura mayor el número de cromosomas B. De esto modo, se concluyó que la variación en los nucleotipos relacionada con el cambio altitudinal, podría tener un significado adaptativo. En este sentido, Lia *et al.* (2007), establecieron que la variabilidad en el número de cromosomas B para un grupo de siete poblaciones nativas de maíz, no podía ser explicada por procesos demográficos, indicando que el gradiente altitudinal observado para el número de cromosomas B tendría origen adaptativo.

En relación con la variabilidad genética, los primeros estudios registrados en razas nativas de maíz de nuestro país fueron realizados por Horovitz (1935) sobre la base de la variación alélica para los caracteres de coloración de la aleurona y del pericarpio del grano. Más recientemente, utilizando la variabilidad isoenzimática de 15 *loci*, Pflüger y Schlatter (1996), analizaron 41 poblaciones de Argentina de diversos orígenes geográficos, encontrando niveles de diversidad genética superiores a los hallados en colecciones mejicanas provenientes de bancos de germoplasma (Doebley *et al.*, 1985) y en maíces provenientes de cultivadores tradicionales de Méjico y Guatemala (Doebley, 1984).

Posteriormente, los trabajos realizados utilizando marcadores *SSR* se dieron a la tarea de evaluar la diversidad de los maíces nativos. Paz (2009) estudió 30 poblaciones locales de la raza Cristalino, originarias de la provincia de Buenos Aires, mediante siete marcadores microsatélite, lo que permitió detectar altos niveles de variabilidad genética dentro de las poblaciones locales e importante diferenciación entre ellas. Asimismo, Lia *et al.* (2009) examinaron los patrones de variación de 18 *loci* microsatélite en seis razas nativas del NOA, encontrando una diversidad genética mayor a la que había sido descripta previamente para los materiales argentinos de la región y remarcó la importancia de estas razas como fuente de diversidad para ampliar la base genética de los programas de mejoramiento. Más recientemente, Bracco (2012) estudió las 15 razas descriptas para la provincia de Misiones (Cámara Hernández *et al.*, 2012) y un conjunto de entradas del Banco de Germoplasma de la Estación Experimental INTA Pergamino provenientes de las provincias de Formosa, Corrientes y Entre Ríos. Los niveles de variabilidad genética detectados resultaron superiores a los hallados al considerar únicamente los maíces reventadores de la región (Bracco *et al.*, 2008), y similares a los descriptos para el NOA (Lia *et al.*, 2009). El análisis conjunto de los materiales de NOA y NEA reveló una clara estructuración en regiones y la co-existencia de distintos grupos raciales dentro de cada una de ellas (Bracco *et al.*, 2012).

I.5. Conservación de recursos genéticos

La región del NOA, conformada por las provincias de Jujuy, Salta, Catamarca, Tucumán y Santiago del Estero (Figura I4), presenta una gran variabilidad topográfica y de regímenes de lluvias, lo que ha generado una importante diversidad de ambientes. Esta variabilidad ambiental ha llevado a la existencia, dentro de la región NOA, de varias provincias fitogeográficas como: Alta Andino, Monte, Prepuna, Yungas y Chaqueña (Figura I5).



Figura I4. **Mapa de la región del NOA.** La región está compuesta por las provincias de Jujuy, Catamarca, Tucumán, Salta y Santiago de Estero (provincias en color rosa).

Asociado a la situación cambiante de los factores medio ambientales se ha desarrollado una rica biodiversidad, que alberga tanto especies silvestres como aquellas que han sido domesticadas para cultivo desde la época precolombina, entre las cuales pueden mencionarse el maíz, el poroto (*Phaseolus* sp), el zapallo (*Curcubita maxima*) y varias especies tuberosas como oca (*Oxalis tuberosa*) y papa (*Solanum tuberosum*). Debido

a ello, esta zona fue propuesta como el principal centro de agricultura aborigen del país (Parodi, 1966).

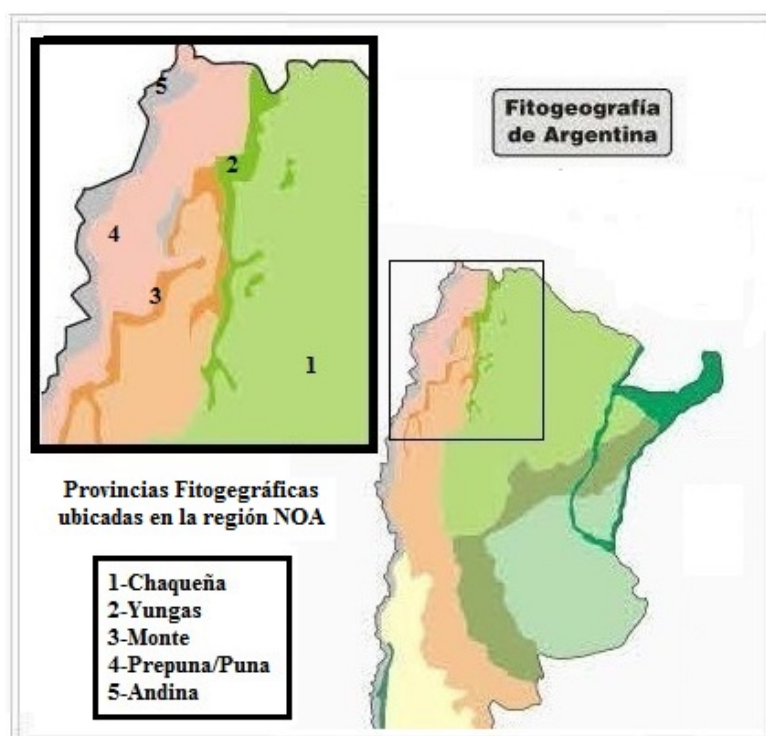


Figura I5. **Provincias Fitogeográficas ubicadas en la región NOA.** En esta imagen se puede apreciar la diversidad de ambientes dentro de la región.

La adaptación del maíz, dentro de esta variabilidad ambiental, dio origen a una gran diversidad de cultivares o razas locales tradicionales que se han mantenido a través de los años en las huertas familiares. El término raza, se ha utilizado en el maíz para agrupar individuos o poblaciones que comparten características en común, de orden morfológico, ecológico, genético y de historia de cultivo, que permiten diferenciarlas como grupo (Anderson y Cutler 1942). Independientemente de las denominaciones, el maíz nativo continúa siendo parte importante de la base alimentaria de las comunidades campesinas y aborígenes, por lo que éstas mantienen su cultivo. Los pobladores rurales de gran parte del NOA conservan aún las costumbres ancestrales y cultivan las diferentes formas del maíz para determinados usos en su alimentación (Cámara Hernández y Arancibia de Cabezas, 2007). No obstante ello, el maíz ha sufrido una pérdida en su importancia tradicional como resultado del cambio de las variedades locales por cultivares mejorados y/o por otros cultivos más rentables, como las hortícolas de hoja (Ferrer, 1997). En los últimos años, la disminución de la superficie cultivada y la introducción de semillas de maíz procedentes de

Bolivia y Perú, han contribuido con la pérdida de variabilidad de los materiales nativos (Schimpf *et al.*, 1997; 2001). Estos cambios culturales y/o tecnológicos junto con la sustitución del cultivo por otros más rentables o asociados al uso de la tierra, son parte de lo que se conoce como erosión genética. Así, las alteraciones sufridas en la dinámica tradicional de producción de variedades regionales generan la imperiosa necesidad de conservar este fundamental patrimonio (Cámara Hernández y Miente Alzogaray, 1997).

Una solución parcial al problema de la erosión genética, ha sido la recolección de muestras, su clasificación y posterior almacenamiento en bancos de germoplasma, con el propósito de conservar estos valiosos recursos de su posible desaparición. La estrategia se enmarca dentro de lo que se conoce como conservación *ex situ*. Esta forma de conservación, asegura un mejor mantenimiento de los materiales a largo plazo y minimiza las probabilidades de hibridación garantizando la preservación de los caracteres originales de las razas. Sin embargo, es importante tener en cuenta que, si la muestra conservada no es representativa de la variabilidad total de la raza, una parte de los alelos totales de la población se perderán con lo consiguiente pérdida de diversidad genética. Si bien, la conservación *ex situ* genera un resguardo del material genético, la multiplicación y evaluación de ciertos materiales implica volver a los sitios originales de colección debido a las características de producción propias de los cultivos (fotoperíodos, temperatura, humedad, etc.), que, de no cumplirse, podrían generar alteraciones morfológicas, falta de maduración o, directamente, la falta de germinación.

Por otro lado, la conservación *in situ* es la estrategia de conservación ideal dado que implica mantener los cultivos en los entornos en que se desarrollaron y seleccionaron sus propiedades específicas, sin la necesidad de la construcción y mantenimiento de centros especializados para dicho propósito.

En el caso particular del maíz en Argentina, en la década de 1950, comenzó a vislumbrarse las ventajas del uso de maíces híbridos para la producción. Con ello, ocurrió el paulatino desplazamiento de las poblaciones locales por cultivares mejorados. Este proceso, disparó la necesidad de comenzar con la colección de muestras en todo el país, y en particular en el NOA para evitar su pérdida definitiva. El organismo encargado de llevar adelante la colección fue INTA, institución que realizó dicho trabajo entre 1965 y 1968 (Luna y Safont Lis, 1978). En el año 1969, fue creado el Banco Activo de Germoplasma de maíz en la EEA-INTA Pergamino (BAP) y entre los años 1977 y 1994 se realizaron 11 giras de recolección que abarcaron 20 provincias (Ferrer *et al.*, 1998). Como resultado de las sucesivas colectas, el BAP cuenta con 2.584 entradas agrupadas en 44 formas raciales,

las cuales representan una gran proporción de la variabilidad genética del maíz que existe en nuestro país. Sin embargo, estas entradas son poco utilizadas principalmente debido a que, en general, se dispone de un conocimiento bastante limitado de las características y mérito genético de las mismas (Eyhérbide *et al.*, 2005; López *et al.*, 2005).

I.7. Marcadores moleculares como herramientas para la conservación

Las técnicas moleculares permiten completar con alto grado de eficiencia la información generada por las metodologías tradicionales de caracterización de germoplasma, las cuales se basan en la utilización de descriptores morfológicos, fenológicos y métricos, en tests de progenies y ensayos de orígenes o procedencias para cuantificar y caracterizar la variabilidad genética. Si bien estos datos son muy importantes, se sabe que no permiten una cuantificación precisa de la diversidad ya que, no cubren de manera completa al genoma y su valor depende, en parte, del efecto ambiental.

Los datos obtenidos mediante las herramientas moleculares son una poderosa fuente de información tanto para el análisis de colecciones de germoplasma (Matus *et al.*, 2002; Dje *et al.*, 2000) como para el estudio de la variabilidad presente en especies o razas relacionadas con aquellas que son utilizadas agronómicamente (Ellis *et al.*, 2006), ya que permiten ayudar en la caracterización y evaluación del material guardado. Además, estas técnicas generan información útil a la hora de tomar decisiones sobre la necesidad de eliminar material, pero manteniendo al máximo la diversidad almacenada (Liu *et al.*, 2003).

Por otro lado, el uso de marcadores moleculares hace posible identificar zonas de mayor diversidad genética en el área de distribución de las variedades nativas o especies silvestres emparentadas, lo que permite aumentar la eficiencia en la adopción de medidas concretas de conservación *in situ* de las poblaciones de interés (Gallo, 2003). En la práctica, los marcadores moleculares han demostrado ser herramientas sumamente eficientes para el estudio de diversidad a nivel poblacional (Thuillet *et al.*, 2002), o en colecciones de germoplasma para el mejoramiento de cultivos como arroz (*Oryza sativa*) (Pérez Almeida y Montoya Aramburu, 2009), papa (*Solanum tuberosum*) (Orona Castro *et al.*, 2006) y girasol (*Helianthus annuus*) (Garayalde *et al.*, 2011), entre otros.

Los esfuerzos de mejoramiento de los últimos 50 años, han detectado altos niveles de vulnerabilidad genética, lo cual amenaza el potencial aumento de futuros rendimientos

(Pritsch, 2001). Por lo tanto, es necesario explorar nuevas fuentes de variabilidad, ya sea para encontrar características específicas de interés (como resistencia a enfermedades, plagas, estrés ambientales y/o de calidad) o innovar en el proceso de mejoramiento genético frente a las nuevas exigencias del mercado.

Como respuesta a ésta disminución de la variabilidad genética del maíz, estudios sobre materiales conservados en el BAP se han llevado a cabo para establecer su calidad industrial (Lorea *et al.*, 2007), resistencia a enfermedades (Iglesias *et al.*, 2006; Presello *et al.*, 1996, 2004), como también el análisis de la variabilidad genética mediante marcadores moleculares (Pflüger *et al.*, 1996; Paz, 2009) Sin embargo, no existen a la fecha estudios de variabilidad molecular sobre ninguna de las razas nativas del NOA conservadas en el BAP.

Considerando todo lo expuesto anteriormente, resulta evidente que la caracterización genética del germoplasma autóctono, como así también la integración de esta información con la proveniente de estudios morfométricos y agronómicos, es un requisito fundamental para la conservación de estos valiosos recursos y para su utilización en el mejoramiento de las líneas de maíz utilizadas en el país.

HIPÓTESIS Y OBJETIVOS

Hipótesis de trabajo

La hipótesis que sustenta este trabajo de tesis es que las razas nativas de maíz conservadas en el Banco Activo de Germoplasma INTA Pergamino albergan diversidad genética original que puede ser revelada y cuantificada mediante el uso de descriptores morfométricos y marcadores moleculares. El conocimiento de los niveles y patrones de estructuración de la diversidad genética en estos materiales permitirá ampliar la base genética de los programas de mejoramiento, como así también diseñar más eficientemente futuras estrategias de recolección y conservación.

Objetivos General

El presente trabajo propone llevar adelante el primer estudio de diversidad genética en las razas nativas de maíz del NOA conservadas en el Banco Activo Pergamino (BAP-INTA) y conjuntamente unificarlo con el relevamiento de la variabilidad morfológica de las mismas. El análisis de diversidad genética en colecciones de germoplasma facilitará la clasificación y la identificación de las entradas con el propósito de utilizar las mismas en futuros programas de mejoramiento y búsqueda de genes de interés agronómico. El estudio de los patrones de variación de marcadores neutros en colecciones *ex situ* ayudará a la caracterización genética de los grupos raciales existentes y a la integración de esta información con la disponible para los complejos raciales del resto del continente americano, en particular con los correspondientes a la región Noreste de Argentina (NEA). Asimismo, con este trabajo se intenta contribuir a fortalecer los esfuerzos de conservación de recursos genéticos *in situ* a través de la generación de herramientas para la restitución de germoplasma local.

Objetivos Específicos

I. Caracterizar y evaluar morfológicamente razas nativas del NOA conservadas en el Banco de Germoplasma de la EEA INTA Pergamino a través de su siembra en las regiones de origen y utilizando los descriptores del IPGRI.

II. Cuantificar y caracterizar la variabilidad genética en dichas entradas a partir del análisis de marcadores moleculares de tipo microsatélites de ADN (*SSRs*).

- a) Estudiar los patrones de distribución de la variabilidad dentro y entre entradas.
- b) Determinar la existencia de patrones de estructuración geográfica.
- c) Establecer las afinidades genéticas entre las entradas de maíz provenientes de las diferentes regiones geográficas del NOA.

III. Analizar conjuntamente la información morfométrica y molecular con el fin de establecer grupos de afinidad y su relación con el origen geográfico de las entradas.

MATERIALES Y MÉTODOS

M.1. Material Vegetal

Para llevar a cabo este trabajo, se seleccionó un conjunto de 50 entradas provenientes del NOA y conservadas en el Banco Activo de Germoplasma de la EEA Pergamino (BAP). La elección del material se basó en dos premisas: disponibilidad de material y que dicho material no hubiera sido multiplicado previamente. Esto último, se consideró necesario para minimizar posibles distorsiones en las estimas de frecuencias alélicas. Las entradas seleccionadas pueden dividirse en dos grandes grupos de acuerdo la zona eco-geográfica de procedencia:

- Maíces de los Valles

Este grupo está formado por 40 entradas pertenecientes a 20 razas representativas de la diversidad de los maíces andinos del NOA y fue colectado en 1994. En la Tabla M1 se muestran identificador, raza, procedencia y la altitud de las entradas estudiadas. La distribución geográfica de las mismas se presenta en la Figura M1.

- Maíces de las Yungas

Este grupo, formado por diez entradas pertenecientes a seis razas, fue colectado en 2009. En la Tabla M2 se indica la información de las mismas.

Cada entrada representa una población de polinización abierta correspondiente a una raza dada y cultivada por un determinado productor local. A lo largo de este trabajo, los términos entrada y población serán utilizados como sinónimos.

La determinación taxonómica de los materiales utilizados fue llevada a cabo por los Ing. Agrónomos Marcelo Ferrer (INTA-BAP) y Julián Cámara Hernández (Facultad de Agronomía-UBA). El acondicionamiento y conservación del material utilizado fue hecho por el personal técnico del BAP.

Asimismo, un conjunto de 24 líneas endocriadas pertenecientes al Banco de Germoplasma de los Estados Unidos (Colección M.M. Goodman, North Carolina State University), cedidas por el Dr. Jim Holland, fue utilizado como control de amplificación,

patrón de referencia y de morfología de los picos alélicos de los marcadores *SSR* analizados en este trabajo. Éstas líneas son: CM105, B95, Va99, Oh43, L317, W64A, NC258, DE811, B77, I29, Tx303, Ky226, P39, Va102, SA24, NC304, H95, HP301, K55, K64, C103, Tx601 y T8.

Tabla M1. Datos de origen de los materiales clasificados como maíces de los Valles en este trabajo. En negritas se resaltan las entradas que fueron utilizadas en análisis fenotípicos. * Altitud= metros sobre nivel del mar (msnm). Abrev= Abreviatura. NA= no asignado. Identificador= AR (Argentina), Z (*Zea*), M (*Mays*).

Identificador	Nombre Racial	Abrev.	Localidad	Provincia	Altitud *
1. ARZM 09020	AVATI MOROTI	AM_1	YUTO	JUJUY	1500
2. ARZM 08025	AVATI MOROTI	AM_2	EL CEIBAL	SALTA	1400
3. ARZM 08068	CALCHAQUI	C_1	BUENA VISTA	SALTA	1120
4. ARZM 08116	CALCHAQUI	C_2	CAFAYATE	SALTA	1990
5. ARZM 10082	PERLA	P_1	AMAICHA DEL VALLE	TUCUMÁN	1700
6. ARZM 09298	PERLA	P_2	CHIJRA	JUJUY	2800
7. ARZM 09265	PERLITA	Pe_1	CALETE	JUJUY	2920
8. ARZM 09220	PERLITA	Pe_2	MALKA	JUJUY	2500
9. ARZM 10083	DENTADO BLANCO	DB_1	ARISTOBULO DEL VALLE	TUCUMÁN	1700
10. ARZM 09404	DENTADO BLANCO	DB_2	TIRAXI	JUJUY	1760
11. ARZM 09178	AMARILLO DE 8 HILERAS	A8H_1	BARCENA	JUJUY	1800
12. ARZM 09213	AMARILLO DE 8 HILERAS	A8H_2	QUEBRADA DE JUELLA	JUJUY	2950
13. ARZM 09283	CAPIA BLANCO	CaB_1	UQUIA	JUJUY	3100
14. ARZM 09291	CAPIA BLANCO	CaB_2	UQUIA	JUJUY	2900
15. ARZM 09377	CAPIA AMARILLO	CaA_1	TUMBAYA	JUJUY	2034
16. ARZM 09378	CAPIA AMARILLO	CaA_2	TUMBAYA	JUJUY	2010
17. ARZM 09402	DENTADO AMARILLO	DA_1	TIRAXI	JUJUY	1760
18. ARZM 09381	DENTADO AMARILLO	DA_2	EL VOLCAN	JUJUY	2000
19. ARZM 09264	CAPIA VARIEGADO	CaV_1	CALETE	JUJUY	2920
20. ARZM 09212	CAPIA VARIEGADO	CaV_2	JUELLA	JUJUY	2800
21. ARZM 10084	CRISTALINO AMARILLO	CrA_1	AMAICHA DEL VALLE	TUCUMÁN	1990
22. ARZM 09380	CRISTALINO AMARILLO	CrA_2	TUMBAYA	JUJUY	2094
23. ARZM 09179	BLANCO DE 8 HILERAS	B8H_1	BARCENA	JUJUY	1800
24. ARZM 09183	BLANCO DE 8 HILERAS	B8H_2	BARCENA	JUJUY	1800
25. ARZM 09210	MOROCHITO	M_1	PUERTA DE JUELLA	JUJUY	2950
26. ARZM 09257	MOROCHITO	M_2	CALETE	JUJUY	2920
27. ARZM 09206	CAPIA GARRAPATA	CaG_1	PUERTA DE JUELLA	JUJUY	2560
28. ARZM 09361	CAPIA GARRAPATA	CaG_2	MAIMARÁ	JUJUY	2375
29. ARZM 09228	CAPIA ROSADO	CaR_1	LA BANDA	JUJUY	2580
30. ARZM 09239	CAPIA ROSADO	CaR_2	LA HUERTA	JUJUY	2750
31. ARZM 09277	PISINGALLO	Pi_1	CALETE	JUJUY	2920
32. ARZM 09369	PISINGALLO	Pi_2	CHICAPA	JUJUY	2410
33. ARZM 09209	CUZCO	Cuz_1	PUERTA DE JUELLA	JUJUY	2800
34. ARZM 09366	CUZCO	Cuz_2	CHICAPA	JUJUY	2410
35. ARZM 09307	CULLI	Cu_1	VILLA PERCHEL	JUJUY	2580
36. ARZM 09197	CULLI	Cu_2	TILCARA	JUJUY	2465
37. ARZM 09207	CHULPI	Ch_1	PUERTA DE JUELLA	JUJUY	2560
38. ARZM 09249	CHULPI	Ch_2	COLONIA SAN JOSÉ	JUJUY	2800
39. NA-1	BOLITA	B_1	CAMPO CARRERAS	JUJUY	3498
40. NA-2	BOLITA	B_2	CAMPO CARRERAS	JUJUY	3498

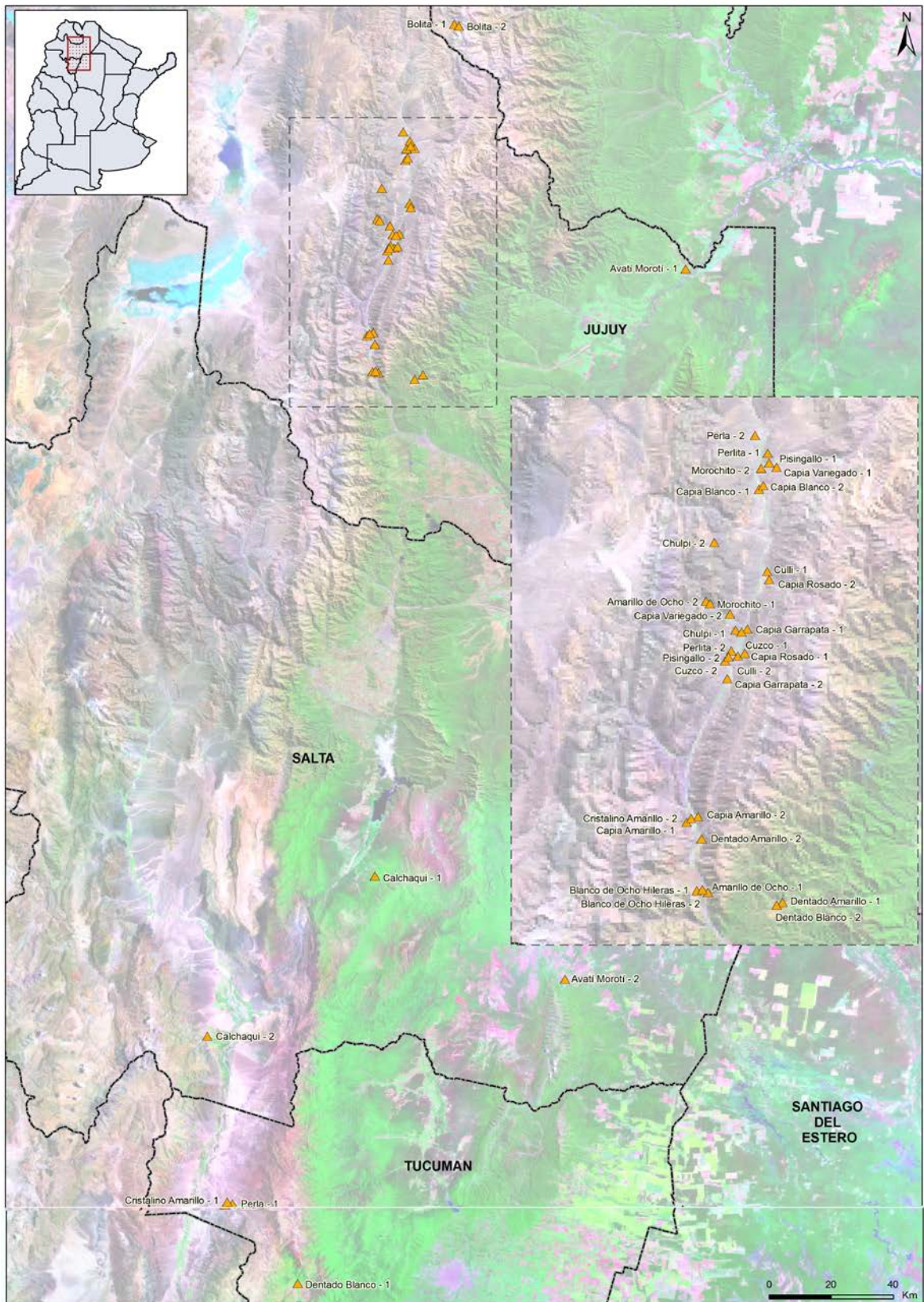


Figura M1. Ubicación geográfica de los sitios de colección de las entradas de maíz originarias de los Valles. La imagen interna muestra con mayor detalle la zona central del mapa.

Tabla M2. Datos de pasaporte de los materiales clasificados como maíces de Yungas.
La altitud esta medida en metros sobre nivel del mar (msnm). NH= Norma Hilgert

Identificador	Nombre Racial	Localidad	Provincia	Altitud (msnm)
NH2909	Ocho Rayas	El Arazay	Salta	<2000
NH2914	Ocho Rayas	Abra de los Colorados	Salta	<2000
NH2924	Chiriguano	El Arazay	Salta	<2000
NH2926	Ocho Rayas	El Arazay	Salta	<2000
NH2950	Chiriguano	Baritú	Salta	<2000
NH168	Perla	Valle Grande	Jujuy	1551
NH171	Cuarentón	Valle Grande	Jujuy	1551
NH182	Perla	Pampichuela	Jujuy	1675
NH185	Blanco y 8 Rayas	Pampichuela	Jujuy	1675
NH204	Colorado	Valle Grande	Jujuy	1551

M.2. Variabilidad Fenotípica

Con el objetivo de evaluar la variabilidad morfológica y la relación entre las entradas de maíz seleccionadas para este trabajo se eligieron 32 caracteres, 19 cuantitativos y 13 cualitativos, mediante la utilización del descriptor del International Board for Plant Genetic Resources, actualmente denominado Biodiversity International (CIMMYT/IBPGR, Roma, 1991, www.maizegdb.org/CIMMYT_IPGRI_descriptors_maize.pdf) (Tabla M3), una breve descripción de los 32 caracteres utilizados en este trabajo se presentan en el apéndice (Análisis Morfológico). Los caracteres presentes en el descriptor cumplen con tres condiciones básicas:

- ser altamente heredables
- ser visibles al ojo
- expresarse en todos los ambientes.

El análisis se llevó a cabo sobre el grupo de entradas pertenecientes a los Valles (Tabla M1) y para ello, 50 semillas por entrada fueron sembradas en el Instituto de Pequeña Agricultura Familiar (IPAF), Provincia de Jujuy, bajo un diseño en bloques al azar con dos repeticiones. Con ésta información se armó una Matriz Básica de Datos (MBD) conformada por caracteres cuantitativos y otra conformada por caracteres cualitativos.

El estudio de la variabilidad fenotípica no abarcó a los maíces procedentes de la Provincia Fitogeográfica de las Yungas debido al bajo número de semillas disponibles.

La evaluación estadística de los datos se realizó mediante los métodos de Análisis de Componentes Principales (ACP), Coordenadas Principales (ACooP) y de Conglomerados según se detalla a continuación.

Tabla M3. Caracteres morfológicos utilizados en este trabajo. Los superíndices indican el momento durante el ciclo del cultivo en cual fueron tomados los datos: 1- después de estado lechoso, 2- floración, 3- durante cosecha, 4- después floración, 5- después cosecha.

		Caracteres		
Tipo de Dato	Planta	Mazorca	Grano	
Cuantitativo	Altura Planta[ALTPL] ⁴	Longitud de Pedúnculo Mazorca[LPEMZ] ⁵		
	Número de Hojas[NH] ⁴	Índice Proliferación[IP] ⁵		
	Número de Hojas sobre la Mazorca más Alta [NHSMZ] ⁴	Número de Hileras de Grano[NHG] ⁵		
	Largo Hoja de la Mazorca más Alta[LH] ⁴	Diámetro Mazorca[DMZ] ⁵		
	Ancho Hoja de la Mazorca más Alta[AH] ⁴	Altura de la Mazorca más Alta[ALTMZ] ⁵		
	Número de Macollos[NM] ⁴	Número de Granos por Hilera[NGH] ⁵		
	Índice de Nervación[INER] ⁴			
	Longitud de Panoja[LP] ¹			
	Longitud del Pedúnculo de la Panoja[LPE] ¹			
	Longitud Ramificación Panoja[LR] ¹			
	Número de Ramificaciones 1° en Panoja[NR1] ¹			
	Número de Ramificaciones 2° en Panoja[NR2] ¹			
Número de Ramificaciones 3° en Panoja[NR3] ¹				
Cualitativo	Follaje ¹	Cobertura de la Mazorca ³	Tipo de Grano ⁵	
	Color Tallo ²	Disposición de Hilera de Grano en Mazorca ⁵	Color de Grano ⁵	
	Orientación de las Hojas ¹	Forma de la Mazorca ³	Forma de la superficie del Grano ⁵	
	Presencia Lígula ⁴	Tamaño de la Mazorca ¹		
	Tipo de Panoja ²			
	Pubescencia de la Vaina Foliar ²			

M.2.1. Análisis de Componentes y Coordenadas Principales

La caracterización de las poblaciones en función de múltiples caracteres cuantitativos es posible utilizando métodos como el ACP. Este método reduce el número de variables originales generando nuevas variables llamadas componentes principales, las cuales contienen información de todas las variables originales pero en distinta proporción, por lo que cada componente expresa un porcentaje diferente de la varianza total. En otras palabras cada componente principal es independiente de las otras y contiene una porción de la variación no expresada en ninguna otra componente.

En este trabajo, la MBD de datos cuantitativos utilizada para el ACP fue construida en base a los valores medios de cada carácter para cada entrada. Antes de llevar a cabo el análisis, la MBD fue estandarizada utilizando la opción de estandarización de matrices más comúnmente usada en taxonomía numérica, la cual consiste en una transformación lineal mediante el uso de media y desvío estándar,

$$y' = \frac{y - a}{b}$$

y = valor de la variable original

a = media de cada variable

b = desvío estándar de cada media

Esta transformación reduce los efectos del uso de diferentes escalas para las mediciones de los distintos caracteres.

Para el estudio de los caracteres cualitativos se utilizó ACooP en base al coeficiente de similitud de Emparejamiento Simple o *Simple Matching*. En este caso la MBD consistió en los valores más frecuentemente observados (moda) en cada entrada para cada carácter cualitativo.

En ambos análisis (ACP y ACooP), un Árbol de Mínima Distancia (*Minimum Spanning Tree-MST*), (Boruvka, 1926), fue superpuesto sobre los gráficos de dos dimensiones para ayudar en la interpretación de la formación de grupos. El MST, ayuda a

detectar las distorsiones locales mostrando que, puntos que se ven juntos en el espacio bidimensional, pueden estar alejados cuando se toman en cuenta un número mayor de dimensiones.

M.2.2. Análisis de Conglomerados

Como en el caso de ACP o ACooP, las técnicas de Conglomerados sintetizan la información. En este caso se crean agrupamientos basados en el grado de similitud entre las poblaciones y para ello se aplican diferentes técnicas, una de las técnicas más usadas es la de Ligamiento Promedio, el cual utiliza el promedio de similitud entre el candidato y cada uno de los integrantes del grupo como valor de similitud para incorporarlo al mismo. Existen diferentes tipos de medias, por lo que también diferentes tipos de ligamiento promedio, el más utilizado es el conocido como de los pares de grupos no ponderados usando la media aritmética o UPGMA (del inglés *Unweighted Pair-Group Method using arithmetic Averages*). Para la aplicación de este procedimiento como primer paso, se calculó una matriz de distancias euclídeas entre las poblaciones según:

$$\mathbf{d}_{(x,y)} = [(\mathbf{x}_1 - \mathbf{y}_1)^2 + (\mathbf{x}_2 - \mathbf{y}_2)^2 + \dots + (\mathbf{x}_p - \mathbf{y}_p)^2]^{1/2} = \mathbf{d}_{(\mathbf{x}_p, \mathbf{y}_p)} = (\sum (\mathbf{x}_p - \mathbf{y}_p)^2)^{1/2}$$

donde $d_{(x_p, y_p)}$ es la distancia euclídea entre los puntos x e y , del espacio euclídeo n -dimensional.

Para establecer la relación entre las matrices de distancia y de agrupamiento se estimó el coeficiente cofenético. Este coeficiente producto-momento mide la bondad de ajuste entre las matrices. El grado de ajuste, según Rohlf (1992) se puede interpretar de la siguiente forma:

Siendo r el coeficiente de ajuste,

- $r \geq 0.9$ existe un muy buen ajuste
- $0.8 \leq r < 0.9$ existe buen ajuste
- $0.7 \leq r < 0.8$ existe un pobre ajuste
- $r < 0.7$ se considera mal ajuste

Sin embargo, un bajo coeficiente no significa que el agrupamiento no tiene utilidad, sino, puede indicar que ocurrió alguna clase de distorsión. La significación estadística de la correlación entre matrices se realizó empleando el test de Mantel (Mantel, 1964).

Todos los análisis estadísticos descriptos en los puntos M2.1 y M2.2 fueron realizados utilizando el programa NTSYS (*Numerical Taxonomy System* pc2.1) (Rohlf, 2000).

M.2.3. Análisis de Correlación

Para conocer la relación entre los caracteres cuantitativos y establecer su comportamiento frente a los gradientes ambientales, se realizaron análisis de correlación mediante el coeficiente de Spearman,

$$Sr_{jk} = \frac{\sum_{i=1}^n R(x_{ij}) R(x_{ik}) - n \left(\frac{n+1}{2} \right)^2}{\sqrt{\left(\sum_{i=1}^n R(x_{ij})^2 - n \left(\frac{n+1}{2} \right)^2 \right) \left(\sum_{i=1}^n R(x_{ik})^2 - n \left(\frac{n+1}{2} \right)^2 \right)}}$$

donde $R(x_{ij})$ es el rango correspondiente a la i -ésima observación de la variable j y $R(x_{ik})$ es el rango correspondiente a la i -ésima observación de la variable K , con $i = 1, \dots, n$. Para el cálculo de este coeficiente se utilizó el programa SPSS (*Statistical Package for the Social Sciences*) versión 11.5.1 (SPSS Inc.).

M.3. Genotipificación de loci SSR

M.3.1. Selección de Loci

La elección de los *loci* SSR utilizados fue hecha a partir de la información disponible en la base de datos MaizeGDB (www.maizegdb.org), tomando como referencia los resultados obtenidos en los trabajos de Matsuoka *et al.* (2002a; 2002b) y Lia *et al.* (2009).

Los 22 *loci* analizados, representan dos a tres *loci* independientes por cada par cromosómico y fueron seleccionados a partir de la evaluación de un total de 27

marcadores, tomando como criterio para su elección su eficiencia de amplificación, reproducibilidad y facilidad de interpretación (Tabla M4).

M.3.2. Extracción de ADN Genómico total

Antes de sembrar, todas las semillas fueron desinfectadas superficialmente para evitar contaminaciones fúngicas durante la germinación (Apéndice Protocolo 1). Luego, las semillas fueron sembradas en cajas de arena estéril humedecidas con agua destilada esterilizada (reglas ISTA, 2007) y colocadas en cámara de crecimiento en oscuridad a una temperatura de 27°C durante 48 horas, seguido de luz durante cinco a siete días. Las plántulas de entre siete a nueve días fueron cosechadas, liofilizadas durante 48 horas, pulverizadas y conservadas a -80°C.

La extracción del ADN genómico total de los 724 individuos utilizados en este trabajo se realizó mediante el protocolo de Dellaporta *et al.* (1983) con modificaciones menores (Apéndice Protocolo 2).

M.3.3. Cuantificación del ADN

La cuantificación se realizó mediante electroforesis horizontal en geles de agarosa al 1% (p/v), buffer TAE 1X y tinción de Bromuro de Etidio (0,5 µg/ml). El voltaje aplicado durante la corrida fue constante de 5 Volts/cm durante 30 minutos. Como referencia se utilizó ADN de timo bovino (Sigma-Aldrich) de peso molecular entre 8 a 15 kilobases. Finalmente, la visualización del ADN se hizo mediante un transiluminador de luz ultravioleta (U.V). Las soluciones *buffer* utilizadas para la siembra y corrida electroforética se prepararon según Sambrook *et al.* (1989).

Tabla M4. Información sobre localización cromosómica, motivo de repetición y diseño de los iniciadores del total de *loci* ensayados. En color gris se resaltan los marcadores eliminados del estudio poblacional.

Locus	Motivo de Repetición	Localización Cromosómica (bin*)	Iniciadores	
			<i>Forward 5'-3'</i>	<i>Reverse 5'-3'</i>
bnlg 149	AG	1	CATCCTCCAAAAGCACTACGT	CAGCTGTCCGACACTTATTCTGTA
bnlg 1014	AG (14)	1.01	CACGCTTTTCAGACAGGAA	CGCCTGTGATTGCACTACAC
bnlg 1866	AG (11)	1.03	CCCAGCGCATGTCAACTCT	CCCCGGTAATTCAAGTGGATA
bnlg 1017	AG (18)	2.02	ATTGGAGGATCTGCGTGAC	CAGCTGGTGGACTGCATCTA
bnlg 1018	AG (16)	2.04	CGAGGTTAGCACCGACAAAT	CGAGTAAATGCTCTGTGCCA
bnlg 1329	AG (14)	2.08	ATAGAATGGGATGTGGGCAA	TCCGATCATATCGGGAGATC
bnlg 1108	AG (21)	3.08	GGATTCCTTTATGACGGGGT	AGTAACAACCAAGGCATCGG
bnlg 1182	AG (19)	3.09	AGCCGAGTCAGTTCGAGGTA	CAGGGGCTTGAGGTGAGTTA
bnlg 1523		3.02	GAGCACAGCTAGGCAAAAGG	CTCGCACGCTCTCTCTTCTT
phi 072	AAAC	4	ACCGTGCATGATTAATTTCTCCAGCCTT	GACAGCGCGCAAATGGATTGAACT
bnlg 252	AG	4.06	CGTTCTCCGTACAGCACAGACCAACGT	CTCAGATGAACTCCTCAGCAGCTGTAGCCT
bnlg 1917	AG (26)	4.1	ACCGAACAGACGAGCTCTA	TTTGCTTCCAACCTCACATGC
bnlg 1287	AG (15)	5.04	GCCCTACCTGTTCTGTCTCG	TGTCACATACCTCAACGTGA
bnlg 105		5.02	GACCGCCGGGACTGTAAGT	AGGAAAGAAGGTGACGCGTTTTTC
bnlg 118		5.07	CTTCCAGCCGCAACCCTC	CCAACAACGCGGACGTGA
bnlg 1732	AG (15)	6.05	AACTTTTGGCATTGCACTGG	AACTTTTGGCATTGCACTGG
bnlg 1740	AG (21)	6.07	TTTTCTCCTTGAGTTCGTTTCG	ACAGGCAGAGCTCTCACACA
bnlg 2132	AG (21)	7	GGCGAGAGAGGCAAAGTTAA	GTCGCACAAGGGGATCAC
bnlg 1070	AG (15)	7.03	TTCCAGTAAGGGAGGTGCTG	TAAGCAACATATAGCCGGGC
bnlg 1194	AG (33)	8.01	GCGTTATTAAGGCAAGCTGC	ACGTGAAGCAGAGGATCCAT
phi 119	AG	8.02	GGGCTCCAGTTTTTCAGTCATTGG	ATCTTTTCGTGCGGAGGAATGGTCA
bnlg 244	AG	9.02	GATGCTACTACTGGTCTAGTCCAGA	CTCCTCCACTCATCAGCCTTGA
bnlg 1209	AG (12)	9.05	GTCCCGGGCAGAATAATACC	TTCTCCTTGAAGTGCTCGT
bnlg 619		9.07	ACCCATCCCCTTTCCACCTCCTCCT	GCTTTCAGCGAATACTGAATAACGCGGA
bnlg 1526	AG (15)	10.04	ACGAGCGAGTGGAGAATAGG	AGCCCAGTACGTGGGGTC
bnlg 1360	AG (25)	10.07	TCTGCTCATCCACAATTGC	AGAACGTGAAGGCTGAGCGTT
bnlg 1839		10.07	AGCAGACGGAGGAAACAAGA	TCTCCCTCTCCCTCTTGACA

bin*= segmento correspondiente a un intervalo de mapeo de aproximadamente 20 centiMorgans. La nomenclatura consiste en un número entero (par cromosómico) seguido por dos decimales.

M.3.4. Amplificación por PCR

Las reacciones de amplificación fueron hechas en formato de placa de 384 pocillos con un volumen final de reacción de 15 µl utilizando como molde 15 ng de ADN, enzima ADN polimerasa *Taq Platinum* y reactivos Invitrogen™, Life Technologies. Los iniciadores *forward* utilizados en este trabajo fueron marcados en sus extremos 5' mediante la unión covalente de fluoróforos 6-FAM (azul) o HEX (verde), lo cual permite la detección de los fragmentos de amplificación durante la corrida electroforética, además de incrementar la sensibilidad en la detección de los mismos. La mezcla de reacción se compuso de la siguiente forma:

Componentes de la mezcla de amplificación	Concentraciones
<i>Buffer</i>	1x
<i>MgCl₂</i>	1,5 mM
<i>Dexoxirribonucleótidos trifosfato (dNTPs)</i>	0,2 mM
<i>Iniciador Reverse</i>	0,13 µM
<i>Iniciador Forward-X</i>	0,13 µM
<i>Taq Polimerasa</i>	0,5 unidades
<i>H₂O destilada</i>	hasta 15 µl

El termociclador utilizado fue un AB GeneAmp system 9700 (Applied Biosystems) versión 3.09, con un programa de tipo *touch-down* que permite mejorar la eficiencia de amplificación al incluir una sub-rutina inicial en la cual la temperatura de hibridación decrece en cada ciclo, mientras que el resto del programa utiliza una única temperatura de hibridación.

Etapas del ciclo	Temperatura	Tiempo
Desnaturalización inicial	94°C	4 min.
<i>Touch-down</i> -12 ciclos		
Desnaturalización	94°C	45 seg.
Hibridación (-1°C/ciclo)	64-52°C	45 seg.
Extensión	72°C	45 seg.
Amplificación - 30 ciclos		
Desnaturalización	94°C	45 seg.
Hibridación	52°C	45 seg.
Extensión	72°C	45 seg.
Extensión final	72°C	15 min.

M.3.5. Visualización de los productos de Amplificación

Se verificó la presencia, cantidad y el grado de dilución posterior que se le aplicó a los productos de amplificación, mediante la siembra de 5 µl de muestra en geles de agarosa al 2% (p/v). Las muestras se sometieron a electroforesis como se describió en el punto M3.3. Luego los geles fueron escaneados utilizando el sistema de documentación de geles *Typhoon* (GE Healthcare, Life Sciences), o visualizados utilizando transiluminador UV.

La separación de los productos de amplificación se llevó a cabo mediante electroforesis capilar utilizando un secuenciador ABI 3130 XL (Applied Biosystems), con capilares de 50 cm de longitud y POP 7 como matriz de separación. Para la visualización, identificación y asignación de tamaños de los productos de amplificación se usó el programa *GeneMapper* 4.0 (Applied Biosystems). Los detalles de la electroforesis y criterios aplicados para establecer la existencia de alelos y su tamaño se encuentran en el apartado Protocolo 3 del Apéndice.

M.4. **Análisis de Variabilidad Genética**

Para realizar los diferentes análisis de variabilidad genética que se llevaron adelante en este trabajo se utilizaron 16 individuos por entrada (640 individuos totales) para los maíces pertenecientes a los Valles y 6 individuos por entrada (60 individuos totales) para los maíces colectados en las Yungas.

M.4.1. Cálculo de frecuencias alélicas

Las frecuencias alélicas fueron calculadas mediante la utilización del programa SPSS (*Statistical Package for the Social Sciences*) 11.5.1 (SPSS Inc.) a partir de los genotipos individuales encontrados en cada una de las poblaciones analizadas.

M.4.2. Índices de diversidad genética

Los parámetros utilizados como estimadores de la variabilidad genética fueron: la heterocigosis media observada (H_o), la heterocigosis media esperada por *locus* (H_e), el número promedio de alelos por *locus* (A) y la riqueza alélica (R).

La heterocigosis, también conocida como diversidad genética, fue calculada a partir de las frecuencias alélicas utilizando el método desarrollado por Nei (1987).

$$H_e = (1/L) \sum 1 - \sum X_i^2$$

L = número de *loci* analizados

X_i = frecuencia de los i-alelos

Siendo $0 < H_e < 1$

El número promedio de alelos por *locus* (A) se obtuvo calculando la media aritmética del número de alelos presentes en cada uno de los *loci* analizados.

El índice de riqueza alélica (Rs) (El Mousadik y Petit, 1996) constituye una medida del número de alelos y, a diferencia de A, es independiente del tamaño de la muestra. Rs estima el número de alelos diferentes que se espera encontrar en una submuestra de tamaño 2n tomada a partir de una población compuesta por 2N genes ($n \leq N$).

$$R_s = \sum_i [1 - (((2N - Ni) / N^2) / (2N / 2n))]]$$

Ni = número de alelos tipo i en los 2N genes

Las estimas de los indicadores de diversidad genética para las poblaciones y los grupos de poblaciones conformados mediante análisis de agrupamiento así como su nivel de significación fueron calculadas utilizando el programa *F-Stat* (Goudet, 1995). La comparación de los índices Rs y He entre las poblaciones y regiones se realizó utilizando el test de permutaciones implementado en el mismo software.

M.4.3. Visualización espacial de la diversidad

La creación de los mapas y la georeferenciación de los valores de variabilidad genética generados en este trabajo se llevaron a cabo mediante la utilización del programa *ArcGIS 9.2* (ESRI, 2006).

M.5. Diferenciación y Estructura Poblacional

M.5.1. Equilibrio de Hardy-Weinberg

El ajuste a las proporciones de Hardy-Weinberg para cada población se evaluó mediante la utilización del parámetro F_{IS} (Wright, 1965), cuyo significado se explica en la próxima sección. La significación de los desvíos se estableció según lo descrito en la documentación del programa *F-stat* (Goudet, 1995).

M.5.2. Elección del modelo de diferenciación poblacional

De los varios modelos desarrollados para conocer el grado de diferenciación o estructuración entre poblaciones, sólo dos de ellos: el modelo de alelos infinitos (*infinite allele model* o IAM) (Kimura & Crow, 1964) y de mutación de a pasos (*stepwise mutation model* o SMM) (Kimura & Ohta, 1978), han alcanzado un desarrollo analítico importante para su aplicación en estudios poblacionales.

Según el modelo de alelos infinitos, cada mutación da lugar a una nueva variante, que resulta electroforéticamente diferente de las ya existentes. Así, dos alelos con igual movilidad electroforética necesariamente compartirán un origen común, o sea, serán idénticos por descendencia. Sin embargo, la variación alélica observada en los *loci* microsatélites generalmente deriva de la ganancia o pérdida de una o más repeticiones. De este modo, el surgimiento de alelos con igual número de repeticiones puede darse reiteradas veces en forma independiente. Las variantes resultantes serán idénticas en estado, pero no idénticas por descendencia, violando así los supuestos del modelo de alelos infinitos.

Asumiendo el modelo de alelos infinitos, la estructura genética de las poblaciones fue analizada por medio de los índices de Fijación: F_{IS} , F_{IT} y F_{ST} (Wright, 1965; Wright, 1978). El significado de los mismos puede resumirse en función de los valores de heterocigosis esperada y observada a través de las reformulaciones propuestas por Nei (1977):

$$F_{IS} = \frac{H_S - H_I}{H_S} \quad F_{IT} = \frac{H_T - H_I}{H_T} \quad F_{ST} = \frac{H_T - H_S}{H_T}$$

donde,

H_T = heterocigosis esperada en la población total

H_I = heterocigosis observada promedio por subpoblación

H_S = heterocigosis esperada promedio por subpoblación

Así, F_{IT} es una medida del exceso o defecto de homocigotas en la población total, F_{IS} es una medida del efecto del apareamiento no aleatorio dentro de las subpoblaciones por lo tanto ambos son medidas de desvío de las proporciones establecidas por Hardy-Weinberg, mientras que F_{ST} es una medida de la diferenciación genética entre subpoblaciones, evidenciando efecto de subdivisión en la población total. Los índices de fijación fueron estimados a través del método de análisis de la varianza propuesto por Weir y Cockerham (1984). La significación de los mismos se llevó a cabo a través del método de permutaciones incluido en el programa *F-stat* versión 2.9.3.2 (Goudet, 1995).

Por su parte, el modelo de mutación de a pasos, describe la variación observada a través de la ganancia o pérdida de una única unidad de repetición por cada evento. Según éste modelo, la diferencia en el número de repeticiones es una medida del grado de divergencia entre los alelos.

Teniendo en cuenta esto último, Slatkin (1995) propuso al índice R_{ST} como medida de diferenciación análoga al índice F_{ST} .

$$R_{ST} = \frac{\bar{S} - S_w}{\bar{S}}$$

en donde \bar{S} es el promedio de las sumas de cuadrados de las diferencias en el tamaño alélico para la población total, y S_w es la medida correspondiente a las subpoblaciones.

La elección del estadístico a utilizar como medida de diferenciación depende del patrón mutacional de los *loci* analizados y de la contribución relativa de mutación, deriva y

migración en el proceso de divergencia. A fin de seleccionar el estadístico más adecuado para el análisis, se aplicó el test de permutación de tamaños alélicos (Hardy *et al.*, 2003) según se encuentra implementado en el programa *SPAGeDi* (Hardy y Vekemans, 2002). La prueba consiste en generar una distribución del estadístico R_{ST} asumiendo que las diferencias en los tamaños alélicos no contribuyen a la diferenciación poblacional. La distribución nula se construye mediante un procedimiento de aleatorización basado en la permutación de tamaños entre categorías alélicas. Esto es, dadas las categorías alélicas a, b y c de tamaños dos, cuatro y ocho, respectivamente, el proceso de permutación reasignará los tamaños sin modificar la constitución original de los individuos (aa, bb, ab, etc.), calculando luego un nuevo R_{ST} por cada ronda (pR_{ST}). La significación de la prueba se obtiene computando el número de pR_{ST} mayores al R_{ST} observado. Dado que el promedio de los pR_{ST} es igual al valor esperado de F_{ST} para el conjunto inicial de datos, este algoritmo permite poner a prueba la hipótesis nula $H_0: F_{ST} = R_{ST}$, con $H_1: R_{ST} > F_{ST}$. De aceptarse H_0 , F_{ST} será el estimador elegido por presentar menor varianza (Hardy *et al.*, 2003).

En todos los casos, las comparaciones múltiples fueron sometidas a la corrección de Bonferroni (Rice, 1989), donde:

$$\alpha = 1 - (1 - \hat{\alpha})^n$$

donde n = número de comparaciones.

La comparación de los índices F_{ST} entre las poblaciones y regiones se realizó utilizando el test de permutaciones implementado en *F-Stat* (Goudet, 1995).

M.5.3. Análisis Bayesiano

En los últimos diez años, la utilización de la estadística Bayesiana en el estudio de la estructura genética de poblaciones ha generado la aparición de un número de modelos y programas computacionales abocados a tal fin (Corander *et al.*, 2008). En este trabajo se aplicó la aproximación implementada por Pritchard *et al.* (2000), mediante el programa *Structure 2.3* (<http://pritchardlab.stanford.edu>). Este método, permite identificar grupos utilizando los genotipos *multilocus* de un conjunto de individuos, calculando las frecuencias alélicas dentro de las diferentes subpoblaciones asumiendo equilibrio de Hardy-Weinberg y, asumiendo que el conjunto de individuos analizados representa una mezcla proveniente de un número desconocido de poblaciones (K).

El algoritmo permite hallar el valor de K que maximiza la probabilidad de los datos, e identificar el número de “unidades genéticas ideales” que conforman la muestra, sin necesidad de una delimitación *a priori* de las poblaciones. El valor obtenido puede resultar menor, igual o mayor al número de entidades originalmente definidas como poblaciones en base a criterios geográficos, morfológicos o comportamentales, dando cuenta, así, de la presencia de un patrón de estructuración que sería, de otro forma, indetectable. El número de K evaluados fueron de 1 a 15 y se llevaron a cabo 10 repeticiones para cada uno de ellos, realizándose 500.000 a un millón de iteraciones tras un periodo de *burn-in* de 100.000 iteraciones. No se utilizó información sobre el origen de los individuos para la definición de los conjuntos o grupos y el análisis se corrió bajo el modelo de frecuencias alélicas independientes, lo que significa que se asume que las frecuencias alélicas en cada población son independientes entre sí.

Diferentes criterios fueron evaluados para la elección del valor óptimo de K siguiendo las recomendaciones de los autores del programa y la metodología descrita por Evanno *et al.* (2005), según se detalla a continuación: a) en el caso de obtener distintos valores de K con probabilidades semejantes, se consideró siempre el valor de K más pequeño a fin de capturar la mayor estructura posible evitando patrones de estructuración trivial generados por un incremento ficticio del número de poblaciones. b) se evaluó la asignación de genoma de cada individuo a las poblaciones propuestas, en el caso de ser simétrico se consideró como indicio de ausencia de estructuración real. c) se evaluó la reproducibilidad de las asignaciones de los individuos en las diferentes repeticiones de un mismo K, en el caso de observar variaciones se consideró evidencia de falta de estructuración real.

M.5.4. Análisis Discriminante de Componentes Principales

El Análisis Discriminante de Componentes Principales (ADCP), es un método multivariado diseñado para identificar y describir los grupos de individuos genéticamente relacionados. Este enfoque permite extraer valiosa información a partir de datos genéticos, asignando los individuos a los grupos y permitiendo una evaluación visual de la diferenciación entre poblaciones.

Un problema que ocurre con los métodos multivariados tradicionales es que por lo general se centran en la variación genética total. Sin embargo, la variabilidad genética se puede descomponer mediante el modelo multivariado estándar como:

$$\text{Varianza Total} = (\text{varianza entre grupos}) + (\text{varianza dentro de los grupos})$$

o más sencillamente, mediante notación matricial $VT(x) = B(x) + W(x)$.

Los enfoques como ACP o el ACooP se centran en $VT(x)$, es decir, que sólo describen la diversidad global, posiblemente subestimando la diferenciación entre los grupos.

Por el contrario, el ADCP (Jombart *et al.*, 2010), optimiza $B(x)$ mientras que minimiza $W(x)$, mediante la búsqueda de variables sintéticas, llamadas funciones discriminantes. El ADCP se basa en la transformación de datos utilizando ACP como paso previo al Análisis Discriminante (AD), lo que garantiza que las variables presentadas en el AD sean independientes, y que su número sea menor que los individuos analizados, sin que ello implique necesariamente una pérdida de la información genética. Esta transformación permite que el AD pueda aplicarse a cualquier tipo de dato genético. Además, la generación de componentes principales está destinada a reflejar, únicamente, la variabilidad entre poblaciones.

Las ventajas principales del ADCP son (i) capacidad de identificar estructura genética en conjuntos de datos muy grandes en tiempos de cálculo extremadamente cortos, debido a que no estima un gran número de parámetros; y (ii) ausencia de cualquier hipótesis sobre el modelo genético poblacional subyacente, así como sobre la existencia o no de panmixia o desequilibrio de ligamiento. Esto hace del ADCP una herramienta adecuada cuando se tiene un gran número de datos genéticos para analizar.

Como para la formación de los grupos no se suministra ninguna información de origen de los individuos, el ADCP utiliza la técnica de K-medias, *K-means*, para identificar grupos de individuos (Liu & Zhao, 2006). K-medias se basa en el mismo modelo utilizado por AD donde la variación genética se divide en los componentes entre y dentro de grupos, produciéndose la minimización del segundo componente en cada intento de encontrar grupos. Para evaluar cual fue el mejor número de grupos, se utilizó el Criterio de Información Bayesiano (BIC, del inglés *Bayesian Information Criterion*) (Fraley *et al.*, 1998).

$$\text{BIC} = n \log (W(x)) + g \log (n)$$

donde $W(x)$ es la varianza residual (es decir, la varianza dentro de los grupos) y g es el número de grupos. Este criterio cuantifica la falta de ajuste al modelo, penalizando el número de grupos usados. En la práctica, el número de grupos genéticos diferentes (K) con mayor probabilidad está asociado al valor más bajo de BIC. Los datos fueron analizados usando AICCP que se encuentra dentro del paquete *adegenet* (Jombart, 2008) para el programa R (R Development Core Team, 2009). El número de grupos se evaluó mediante la función *find.clusters*, que genera sucesivos *K-means* (k).

M.5.5. Análisis de Varianza Molecular (AMOVA)

El AMOVA (Excoffier *et al.*, 1992), se llevó a cabo mediante el programa *GenAlEx* 6.2 (Smouse *et al.*, 2008). La significación estadística de cada componente de la varianza se evaluó basándose en 1000 permutaciones de los datos.

M.6. Análisis de correlación entre diferenciación genética y variables geográficas

Para el análisis de correlación entre la matriz de diferenciación genética y las matrices de distancia geográfica y de altitud, como así también de la correlación entre la pertenencia a los grupos identificados por el análisis bayesiano de estructura poblacional y distintas variables geográficas, se utilizó el análisis de correlación bivariado mediante el coeficiente de Spearman. Sus valores y significación fueron calculados mediante el programa SPSS (*Statistical Package for the Social Sciences*) 11.5.1 (SPSS Inc., 2002). Previo al análisis de correlación los valores de diferenciación (F_{ST} de a pares) fueron corregidos según:

$$F'_{ST} = F_{ST}/(1-F_{ST})$$

M.7. Análisis de Agrupamiento

A partir de las frecuencias alélicas se calculó la distancia genética de Nei (Ds), la cual puede definirse como la diferencia entre dos entidades en base a su variación alélica (Nei, 1972). La distancia se estableció entre pares de poblaciones utilizando el programa *Microsat* (Minch *et al.*, 1995-1996). Luego, dichas distancias fueron usadas en el análisis de agrupamiento mediante el método de *Neighbor-Joining* (NJ) (Saitou y Nei, 1987) según el paquete *Phylip* 3.6 (Felsenstein, 1991-2004), la visualización de estos agrupamientos se hizo mediante la utilización del programa *Treewiew* 1.6 (Page, 1996).

Para estimar el soporte estadístico de las ramas internas de los dendogramas generados, la matriz original fue sometida a remuestreo, aplicando el método de “*bootstrapping*”, según el paquete *Phylip* 3.6.

M.8. Estudio Conjunto de Datos Agronómicos y Moleculares

La caracterización y análisis de similitud entre individuos o poblaciones generalmente implica el registro de datos de distinta naturaleza, ya sea cuantitativa, cualitativa o basadas en frecuencias. Esto conlleva diferentes métodos de análisis que dan como resultado distintas configuraciones, cuyo manejo independiente aumenta la dificultad de la interpretación del análisis global.

Para unir y consensuar las configuraciones individuales Gower (1975) propuso el Análisis Generalizado de Procrustes (AGP). Éste procedimiento transforma cada configuración individual utilizando una serie de pasos donde los puntos son trasladados, rotados, reflejados y re-escalados siempre bajo dos premisas fundamentales: mantener la distancia relativa entre los elementos de las configuraciones individuales y minimizar la suma de cuadrados entre los puntos análogos, es decir, aquellos que corresponden al mismo elemento bajo diferentes configuraciones.

En escritura matricial, si la matriz es representada por \mathbf{X}_i , las transformaciones que sufren los puntos pueden escribirse:

$$\mathbf{X}_i \rightarrow \rho_i \mathbf{X}_i \mathbf{H}_i + \mathbf{T}_i$$

donde, \mathbf{p}_i es el factor de re-escalado, \mathbf{H}_i es una matriz ortogonal que rota a \mathbf{X}_i y \mathbf{T}_i es una matriz de translación. La configuración consenso obtenida es el promedio de todas las transformaciones de las configuraciones individuales. Los méritos de este tipo de análisis para la caracterización de variedades fueron evaluados por Bramardi *et al.*, 2005.

Con el fin de obtener una configuración consenso, los datos morfométricos cualitativos, cuantitativos y los valores de distancias genética de Nei (1972) fueron analizados conjuntamente mediante un análisis AGP. y a partir, de la matriz de distancias euclídeas consenso se llevó a cabo un análisis de conglomerados utilizando el método UPGMA, calculándose el coeficiente cofenético y su significación. Los análisis estadísticos descriptos en esta sección fueron hechos utilizando el programa NTSYS (*Numerical Taxonomy System* pc2.1), (Rohlf, 2000).

RESULTADOS

Maíces de los Valles

R.1. Evaluación de la Variabilidad Fenotípica

El análisis morfométrico se realizó sobre 30 de las 40 entradas pertenecientes a los maíces de los Valles, utilizando entre siete a diez individuos por entrada. Para las diez entradas restantes de ésta región, el análisis no pudo ser realizado debido al bajo índice de germinación y/o al pobre desarrollo de las plantas.

R.1.2. Análisis de caracteres cuantitativos

En la Tabla R1 se muestran los valores medios globales obtenidos para los 19 caracteres cuantitativos utilizados en el estudio de variabilidad fenotípica. Los valores medios para todas las poblaciones se presentan en el Apéndice (Apéndice, Tabla A1).

Tabla R1. Valores medios globales de los caracteres cuantitativos utilizados en el estudio de variabilidad fenotípica. MG: media global. DE: desvío estándar. Max: valor máximo para la variable, Min: valor mínimo para la variable. Las medidas de alturas, anchos, longitudes y diámetros fueron tomadas en centímetros.

	ALTPL	ALTMZ	NHSMZ	NM	NH	LH	AH	INER	LP	LPE
MG	164,16	81,55	5,99	0,86	12,38	65,68	9,26	2,50	35,41	17,48
DE	27,94	24,02	0,83	1,03	7,96	9,9	1,54	0,55	8,1	5,1
Max.	240	151	9	5	18	140	13,5	4,8	74	36
Min.	83	26	4	0	8	8	7,70	1,61	19	6
	LR	NR1	NR2	NR3	LPEMZ	IP	NHG	DMZ	NGH	
MG	13,13	16,38	6,64	0,23	8,30	2,55	12,04	4,01	30,64	
DE	3,9	4,42	4,38	0,89	3,75	1,01	2,22	0,34	4,53	
Max.	27	29	20	7	27	8	16,64	4,69	38,17	
Min.	5	5	0	0	2	1	8,25	3,52	20,36	

Abreviaturas: **ALTPL:** Altura Planta, **ALTMZ:** Atura de la Mazorca más Alta, **NHSMZ:** Número de hojas sobre la Mazorca más Alta, **NM:** Número de Macollos, **NH:** Número de Hojas, **LH:** Largo de Hoja, **AH:** Ancho de Hoja de la Mazorca más Alta, **INER:** Índice de Nervación, **LP:** Longitud de Panoja, **LPE:** Longitud de Pedúnculo de Panoja, **LR:** Longitud de Ramificación Panoja, **NR1:** Número de Ramificaciones 1° en Panoja, **NR2:** Número de Ramificaciones 2° en Panoja, **NR3:** Número de Ramificaciones 3° en Panoja, **LPEMZ:** Longitud de Pedúnculo Mazorca, **IP:** Índice de Proliferación, **NHG:** Número de Hileras de Grano, **DMZ:** Diámetro Mazorca, **NGH:** Número de Granos por Hilera.

Para establecer la existencia de relaciones entre los caracteres cuantitativos se llevó a cabo un análisis de correlación. El mismo mostró 56 correlaciones significativas, las cuales se redujeron a 20 luego de aplicar la corrección de Bonferroni (Tabla R2). En la mayor parte de los casos de correlación significativa, las mismas fueron moderadas con excepción de los pares altura de planta (ALTPL)-altura de la mazorca (ALTMZ) ($r=0,87$) y longitud de la zona ramificada de la panoja (LR)-número de ramificaciones secundarias (NR2) de la panoja ($r=0,76$). Las relaciones de correlación significativas y positivas entre ALTPL y número de hojas (NH), número de hojas sobre la mazorca (NHSMZ), longitud de la panoja (LP) y diámetro de mazorca (DMZ), implican que plantas más altas presentan mayor follaje, panojas más largas y diámetro de mazorca mayores. Asimismo, la relación ALTPL/ALTMZ se mantuvo en un valor promedio cercano a dos, lo cual indica que por lo general la mazorca más alta se inserta en la zona media de la planta.

Tabla R2. Estudio de correlación entre caracteres morfológicos. Valores de los índices de correlación para 19 caracteres cuantitativos medidos en poblaciones de maíz del NOA. En color se muestran las correlaciones significativas al 5%. Los valores en negritas muestran las correlaciones significativas después de la corrección de Bonferroni ($p < 0,0026$).

	ALTPL	ALTMZ	NHSMZ	NM	NH	LH	AH	INER	LP	LPE	LR	NR1	NR2	NR3	LPEMZ	IP	NHG	DMZ	NGH
ALTPL	1																		
ALTMZ	0,87	1																	
NHSMZ	0,60	0,47	1																
NM	-0,18	-0,24	-0,05	1															
NH	0,68	0,69	0,61	0,08	1														
LH	0,50	0,41	0,17	0,21	0,33	1													
AH	0,37	0,31	0,24	0,03	0,17	0,61	1												
INER	0,12	0,07	0,21	0,02	0,16	-0,13	-0,42	1											
LP	0,62	0,46	0,58	-0,06	0,36	0,64	0,44	-0,07	1										
LPE	-0,15	-0,25	-0,33	-0,31	-0,47	-0,04	0,09	-0,42	0,11	1									
LR	0,61	0,69	0,57	-0,18	0,47	0,48	0,36	-0,17	0,73	0,07	1								
NR1	0,41	0,51	0,60	-0,09	0,43	-0,11	0,04	0,14	0,37	-0,17	0,60	1							
NR2	0,52	0,60	0,39	-0,40	0,21	0,31	0,44	-0,19	0,58	0,19	0,76	0,50	1						
NR3	0,27	0,23	0,11	-0,22	-0,04	0,20	0,10	0,07	0,29	0,25	0,31	0,09	0,38	1					
LPEMZ	0,26	0,11	0,28	-0,01	0,02	-0,02	0,26	0,06	0,25	0,15	0,13	0,26	0,31	0,09	1				
IP	0,10	0,10	0,07	0,13	0,08	0,28	0,51	-0,39	0,26	0,09	0,25	0,28	0,39	0,13	0,37	1			
NHG	-0,04	0,18	-0,31	-0,24	-0,41	-0,06	0,09	-0,23	-0,13	0,27	0,18	0,06	0,39	0,33	0,08	0,24	1		
DMZ	0,57	0,55	0,37	-0,54	0,15	0,38	0,50	-0,13	0,43	0,14	0,55	0,18	0,61	0,51	0,05	0,14	0,35	1	
NGH	0,30	0,29	0,16	-0,16	0,18	0,41	0,36	0,10	0,26	0,01	0,28	0,20	0,40	0,17	0,25	0,53	0,26	0,40	1

Abreviaturas: ALTPL: Altura Planta, ALTMZ: Atura de la Mazorca más Alta, NHSMZ: Número de hojas sobre la Mazorca más Alta, NH: Número de Hojas, NM: Número de Macollos, LH: Largo de Hoja, AH: Ancho de Hoja de la Mazorca más Alta, INER: Índice de Nervación, LP: Longitud de Panoja, LPE: Longitud de Pedúnculo de Panoja, LR: Longitud de Ramificación Panoja, NR1: Número de Ramificaciones 1° en Panoja, NR2: Número de Ramificaciones 2° en Panoja, NR3: Número de Ramificaciones 3° en Panoja, LPEMZ: Longitud de Pedúnculo Mazorca, IP: Índice de Proliferación, NHG: Número de Hileras de Grano, DMZ: Diámetro Mazorca, NGH: Número de Granos por Hilera

Si bien se detectaron altos niveles de correlación entre algunos caracteres, ninguna fue lo suficientemente elevada ($r > |0,95|$) como para descartar alguno de ellos (Defacio, 2009), por lo que todos los caracteres fueron utilizadas en los análisis posteriores.

R.1.2.1. Análisis de Componentes Principales (ACP)

El aporte de los 19 caracteres morfológicos a los primeros cuatro componentes principales explicó casi el 70% de la variabilidad total del sistema (Tabla R3).

Tabla R3. Análisis de Componentes Principales. Autovalores, porcentaje de varianza explicada por cada autovalor y varianza acumulada.

Componente Principal	Autovalor	Porcentaje	Acumulado
1°	6,54	34,42	34,42
2°	2,70	14,21	48,63
3°	2,35	12,30	60,93
4°	1,55	8,17	69,10

Los caracteres morfológicos, con un aporte mayor al 0,8 al primer componente principal (CP1) fueron ALTPL, ALTMZ, NHSMZ y NH, aunque las variables longitud de la zona ramificada de la panoja (LR), NR2 y DMZ presentaron niveles también destacables (aporte $> 0,65$) (Tabla R4). El segundo componente principal (CP2), quedó caracterizado principalmente por la variable longitud del pedúnculo de la panoja (LPE), seguido por índice de nervación (INER), número de granos por hilera (NGH) y número de macollos (NM) (aporte $> 0,55$). Por su parte, el tercer componente principal (CP3) quedó caracterizado por índice de proliferación (IP) y ancho de hoja de la mazorca más alta (AH) (aporte $> 0,55$), mientras que las variables más asociadas al cuarto componente principal (CP4) fueron número de ramificaciones primarias de la panoja (NR1) y largo del pedúnculo de la mazorca (LPEMZ) (aporte $> 0,50$).

Tabla R4. Análisis de Componentes Principales. Valores de los componentes de los autovectores asociados a los primeros cuatro Componentes Principales. En negritas se resaltan los valores más elevados por componente.

	CP1	CP2	CP3	CP4
ALTPL	0,9155	0,1439	0,1167	0,0528
ALTMZ	0,8963	0,0571	0,2532	-0,0510
NHSMZ	0,8039	0,1884	0,1383	0,2021
NM	-0,1803	0,5543	-0,3956	-0,1034
NH	0,8038	0,4393	0,1651	0,0499
LH	0,5723	0,2056	-0,4910	0,3410
AH	0,5871	-0,0837	-0,5880	0,2048
INER	0,0004	0,5686	0,4983	-0,1985
LP	0,6075	-0,3808	-0,2835	-0,0034
LPE	-0,2829	-0,7673	-0,2951	-0,0052
LR	0,7911	-0,3348	-0,0509	0,0308
NR1	0,5967	-0,1448	0,2576	-0,5482
NR2	0,6895	-0,5315	0,2470	-0,2494
NR3	0,1675	-0,5278	0,5191	0,0432
LPEMZ	0,3150	-0,0783	-0,2429	-0,5155
IP	0,3279	-0,0997	-0,6472	-0,4689
NHG	-0,2944	-0,0788	0,3357	-0,2950
DMZ	0,6755	-0,0914	0,2302	0,4803
NGH	0,4673	0,5566	-0,1565	-0,3557

Abreviaturas: **ALTPL:** Altura Planta, **ALTMZ:** Atura de la Mazorca más Alta, **NHSMZ:** Número de hojas sobre la Mazorca más Alta, **NH:** Número de Hojas, **NM:** Número de Macollos, **LH:** Largo de Hoja , **AH:** Ancho de Hoja de la Mazorca más Alta, **INER:** Índice de Nervación, **LP:** Longitud de Panoja, **LPE:** Longitud de Pedúnculo de Panoja, **LR:** Longitud de Ramificación Panoja, **NR1:** Número de Ramificaciones 1° en Panoja, **NR2:** Número de Ramificaciones 2° en Panoja, **NR3:** Número de Ramificaciones 3° en Panoja, **LPEMZ:** Longitud de Pedúnculo Mazorca, **IP:** Índice de Proliferación, **NHG:** Número de Hileras de Grano, **DMZ:** Diámetro Mazorca, **NGH:** Número de Granos por Hilera.

La representación de las poblaciones en el plano principal se realizó mediante los dos primeros CP, que explican el 48,6% de la variabilidad total del sistema. Al superponer un Árbol de Mínima Distancia (MST, por sus siglas en inglés), originado a partir de la matriz de distancias euclídeas, pudo apreciarse la existencia de distorsión entre las poblaciones en el plano creado por el ACP y la distancia euclídea entre dichas poblaciones (Figura R1).

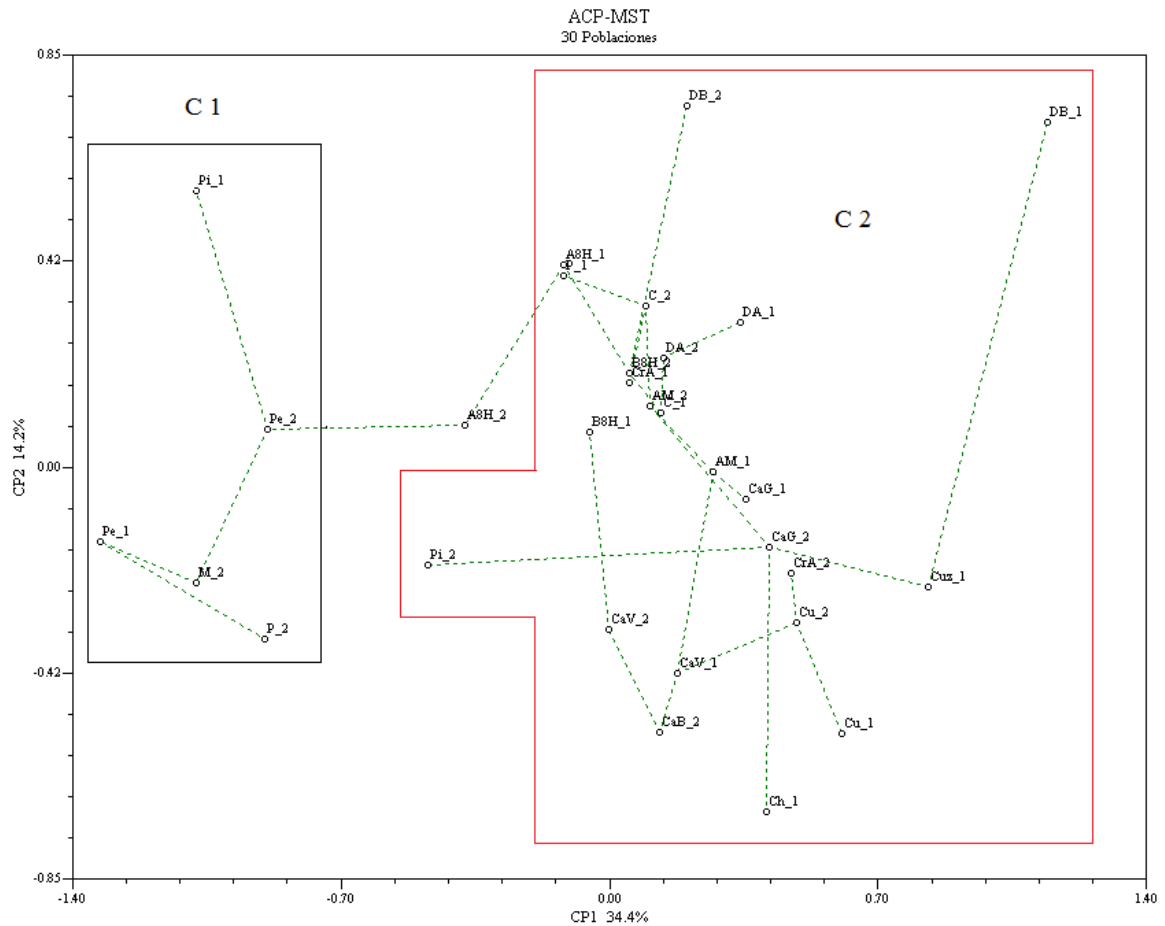


Figura R1. **Análisis de Componentes Principales.** Estudio realizado en base a 19 caracteres cuantitativos Plano principal del análisis formado por los primeros dos componentes. Las líneas verdes punteadas representan el Árbol de Mínima Distancia (MST). C1 y C2 conjuntos formados mediante el análisis. Los círculos representan las poblaciones estudiadas.

La evaluación de los dos primeros CP permitió identificar dos conjuntos principales: C1 y C2 (Figura R1). El primero incluye a las entradas referidas como Pisingallo 1 (Pi_1, ARZM 09277), Perlita 1 (Pe_1, ARZM09265), Perlita 2 (Pe_2, ARZM09220), Morochito 2 (M_2, ARZM09257) y Perla 2 (P_2, ARZM09298) (rectángulo negro, Figura R1), en tanto que el segundo conjunto incluyó las entradas Calchaquí 1 (C_1, ARZM08068), Calchaquí 2 (C_2, ARZM08116), Dentado Blanco 1 (DB_1, ARZM10083), Dentado Blanco 2 (DB_2, ARZM 09404), Pisingallo 1 (P_1, ARZM10082), Avatí Morotí 1 (AM_1, ARZM09020), Avatí Morotí 2 (AM_2, ARZM08025), Blanco de 8 Hileras 1 (B8H_1, ARZM09179), Blanco de 8 Hileras 2 (B8H_2, ARZM09183), Capia Garrapata 1 (CaG_1, ARZM09206), Capia Garrapata 2 (CaG_2, ARZM09361), Cristalino Amarillo 1 (CrA_1, ARZM10084), Cristalino Amarillo 2 (CrA_2, ARZM09380), Culli 1 (Cu_1, ARZM09307), Culli 2 (Cu_2, ARZM09197),

Capia Variegado 1 (CaV_1, ARZM09264), Capia Variegado 2 (CaV_2, ARZM09212), Amarillo de 8 Hileras 1 (A8H_1, ARZM09178), Dentado Amarillo 1 (DA_1, ARZM09402), Dentado Amarillo 2 (DA_2, ARZM09381), Capia Blanco 2 (CaB_2, ARZM09291), Cuzco 1 (Cuz_1, ARZM09209), Pisingallo 2 (Pi_2, ARZM 09369) y Chulpi 1 (Ch_1, ARZM09207) (rectángulo rojo, Figura R1). Sin embargo, no resultó posible definir la pertenencia de la entrada Amarillo de 8 Hileras 2 (A8H_2, ARZM 09213), la cual puede considerarse para este análisis como un grupo mezcla entre los dos grupos principales.

Para lograr un mayor grado de comprensión de los conjuntos formados mediante el ACP se incluyó el tercer componente al análisis. Pero, a pesar de aumentar el nivel de variabilidad considerado no introdujo una mejora en la discriminación de los grupos anteriormente formados (resultados no mostrados en la tesis).

R.1.2.2. Análisis de Conglomerados

En base a los 19 caracteres cuantitativos se realizó un análisis de conglomerados a partir de la matriz de distancias euclídeas entre poblaciones. La relación entre poblaciones se muestra en el dendrograma de la Figura R2, construido con un criterio de encadenamiento UPGMA.

El valor de correlación entre la matriz de distancia y la matriz cofenética derivada resultó alto (test de Mantel, $r = 0,857$, $p < 0,0001$), por lo que el conglomerado obtenido puede considerarse una muy buena representación de las distancias originales entre poblaciones. En el dendrograma se distinguen dos grupos a un bajo nivel de similitud, Co1 y Co2. El grupo Co1 posee la misma conformación que el grupo C1 del ACP, excepto que en este caso incluye a la población Amarillo de 8 Hileras 2 (A8H_2, ARZM09213) anteriormente considerada como mezcla. El grupo Co1 está formado por seis poblaciones mientras que el grupo Co2, más complejo, quedó conformado por 24, incluyendo a las 23 entradas del conjunto C1 del ACP con el agregado de Pisingallo 2 (Pi_2, ARZM09369). Asimismo, dentro de Co2 se distinguieron dos subgrupos, Co2.1 y Co2.2. Por otro lado, en general, las entradas identificadas bajo el mismo nombre racial, no se asociaron en los niveles más bajos de distancia.

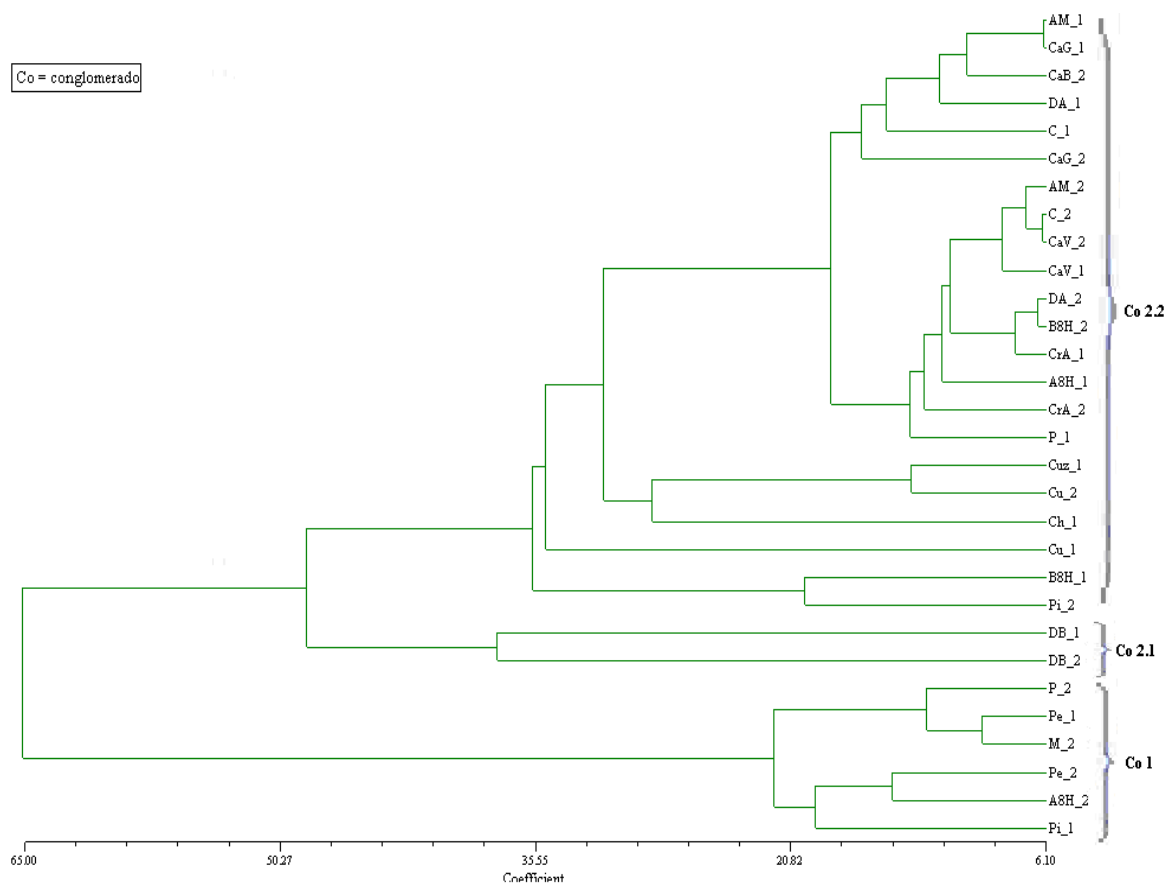


Figura R2. **Análisis de conglomerados.** Análisis basado en 19 caracteres cuantitativos para 30 poblaciones de maíz del NOA bajo el criterio UPGMA utilizando la distancia euclídea entre poblaciones.

Para llevar adelante una comparación morfológica entre los grupos formados mediante el análisis de conglomerados, se calculó el valor medio de los caracteres más importantes del ACP para los CP1 y CP2 pero, eliminado NSHMZ por estar incluida dentro de NH. A pesar de no ser poseer una de las contribuciones más importantes en el análisis de ACP, el carácter NHG también se incluyó en este análisis debido a la posibilidad de poder calcular mediante su uso el número de granos por mazorca (Tabla R5).

El análisis de las características de estos grupos reveló que Co1 estuvo formado exclusivamente por maíces de baja estatura, con pocas hojas, de pedúnculos de panoja largos, zona ramificada corta y muy pocas ramificaciones secundarias en el mismo. Sus mazorcas presentaron el menor diámetro medio y pocos granos por hilera, pero con el valor medio más alto para hileras de grano, dando como resultado un número medio de granos por mazorca de 340.

Por su parte, el grupo Co2 presentó una conformación más heterogénea, sin embargo, en este caso las plantas siempre fueron de mayor porte, con más hojas, de pedúnculos de panoja más cortos y de mazorcas con diámetros mayores que las del grupo Co1. El subgrupo Co2.1 quedó conformado por las dos entradas referidas como Dentado Blanco (DB_1, ARMZ09402, y DB_2, ARMZ10083), cuyas plantas exhibieron la mayor altura promedio (190,5 cm), abundante follaje, pedúnculo de panoja corto y zona ramificada larga. Las mazorcas presentaron el valor medio más alto para el diámetro y con tendencia también a ser las que presentaron mayor número de granos por hilera pero, a pesar de tener un valor intermedio de hileras de granos presentaron el mayor número medio de granos por mazorca (403 granos). El subgrupo Co2.2, quedó conformado por maíces con valores medios en los caracteres antes mencionados, lo cual sitúa al grupo en una posición intermedia entre los grupos Co1 y Co2.1. En particular las panojas del el subgrupo Co2.2 presentaron mayor número medio de ramificaciones 2° y una generación de granos media de 375.

Tabla R5. Valores medios de los caracteres más discriminantes para los grupos formados mediante la interpretación del análisis de conglomerados. Las alturas, anchos, longitudes y diámetros fueron medidos en centímetros. M= media. DE= desvío estándar

	Co 1		Co 2.1		Co 2.2	
	M	DE	M	DE	M	DE
ALTPL	126,98	15,97	190,5	28,66	171,50	20,11
ALTMZ	49,88	12,13	103,85	20,48	88,37	17,92
NH	10,08	1,38	15,20	1,85	13,43	9,42
NM	1,20	1,07	1,05	1,05	0,79	1,06
LR	9,51	3,54	15,90	3,60	14,82	3,14
LPE	20,88	4,28	16,40	3,37	19,30	5,18
NR2	3,19	2,65	7,90	2,38	8,05	4,28
NHG	13,10	2,43	12,45	2,20	11,70	1,89
DMZ	3,80	0,17	4,35	0,21	4,10	0,30
NGH	25,90	3,45	32,40	2,40	32,10	3,48

Abreviaturas: **ALTPL:** Altura Planta, **ALTMZ:** Atura de la Mazorca más Alta, **NH:** Número de Hojas, **NM:** Número de Macollos, **LR:** Longitud de Ramificación Panoja, **LPE:** Longitud de Pedúnculo de Panoja, **NR2:** Número de ramificaciones 2° en Panoja, **NHG:** Número de Hileras de Grano, **DMZ:** Diámetro Mazorca, **NGH:** Número de Granos por Hilera.

R.1.3. Análisis de caracteres cualitativos

R.1.3.1. Análisis de Coordenadas Principales (ACooP)

La representación gráfica del análisis de coordenadas principales basado en 13 caracteres cualitativos representó el 36% de la variabilidad total (primer eje 20%, segundo eje 16%) y mostró la formación de dos grupos principales, (I y II), pero con una marcada dispersión interna en ambos (Figura R3). La heterogeneidad existente dentro de los grupos puede deberse mayormente a la variabilidad presente en los caracteres de grano, dado que los caracteres de planta presentaron un comportamiento más homogéneo. Los valores para todas las poblaciones se encuentran en apéndice (Apéndice, Tabla A2).

La composición de los agrupamientos mostró al grupo I formado por poblaciones con grano de tipo cristalino y forma de superficie redonda, con excepción a las entradas asociadas a Pisingallo con superficie muy puntiaguda. Por otro lado, el grupo II, algo más heterogéneo presentó integrantes con tipo de grano harinoso y dentado con forma de superficie dentada y redonda.

Al introducir una nueva dimensión al análisis, es decir, tres coordenadas principales, la salida gráfica no aportó mayor grado de definición al ya obtenido mediante la utilización de las dos primeras coordenadas principales (resultado no mostrado en la tesis).

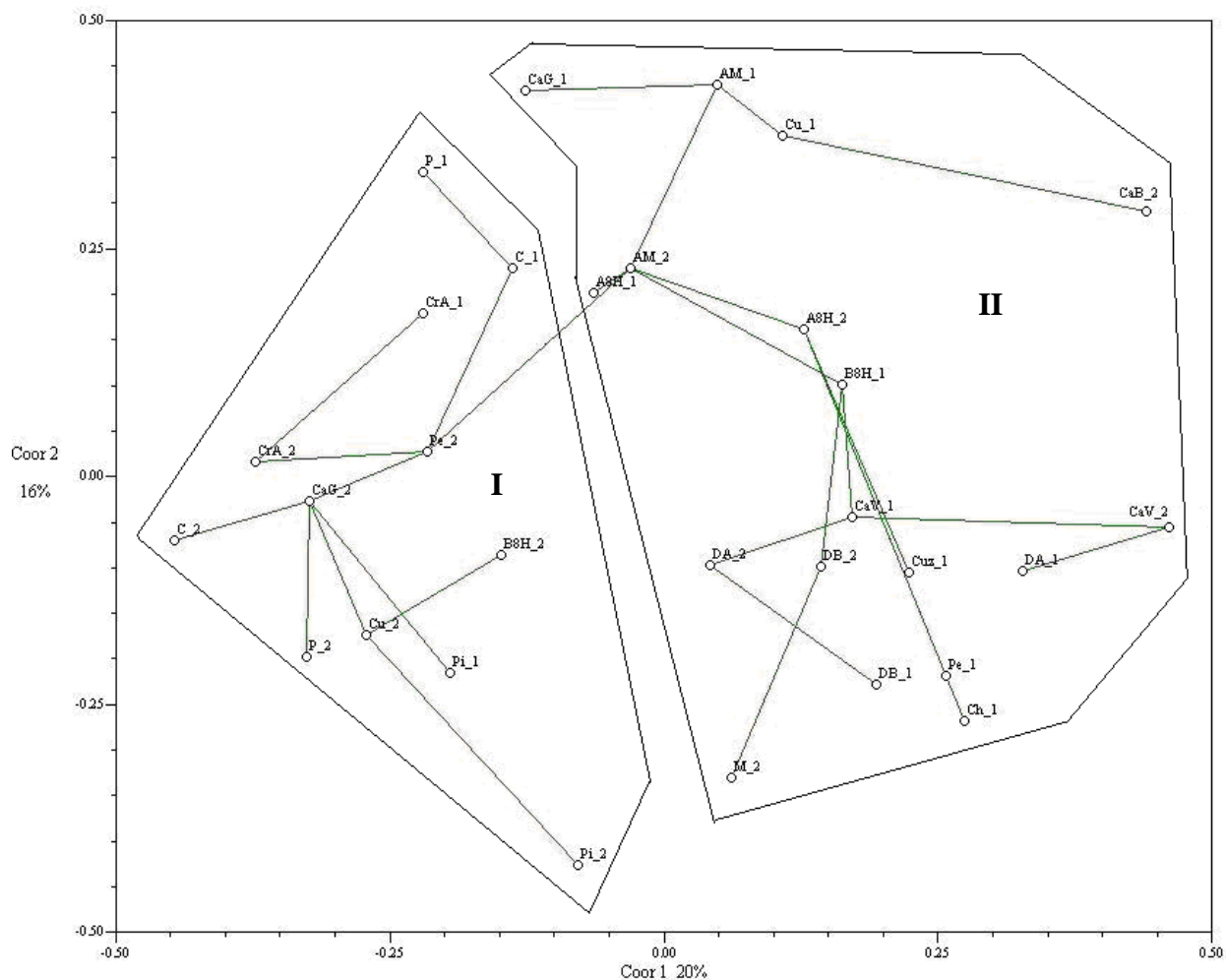


Figura R3. **Análisis de Coordenadas Principales en base al coeficiente de Emparejamiento Simple.** Plano principal y Árbol de Mínima Distancia para análisis de caracteres 13 caracteres cualitativos, para 30 poblaciones de maíz del NOA. Las líneas entre individuos representan el árbol de mínima distancia.

R.1.3.2. Análisis de Conglomerados

Para complementar el estudio de las afinidades entre las poblaciones mediante el uso de caracteres cualitativos y aumentar la posibilidad de discriminar mejor a los grupos, se llevó a cabo un análisis de conglomerados. Este análisis mostró, una mayor capacidad para la discriminación de grupos que el ACooP, obteniéndose un coeficiente de correlación cofenética elevado ($r = 0,8$, $p < 0,0001$) (Figura R4). Como punto de corte se tomó el valor de similitud que formara el menor número de grupos principales posibles, en este caso con un valor de 0,58 se reconocieron cuatro grupos principales.

- **grupo A**, formado únicamente por Chulpi 1 (Ch_1, ARZM09207), raza que presenta características únicas entre las entradas analizadas como lo son mazorca cilíndrica con granos tipo dulce de superficie contraída y color amarillo oliva. Además, esta entrada presentó panoja con ramificaciones terciarias y orientación de sus hojas semirrectas.
- **grupo B**, formado por Perlita 1 (Pe_1, ARZM09265) y Pisingallo 2 (Pi_2, ARZM 09369), presentó un alto grado de homogeneidad desde el punto de vista de caracteres de planta diferenciándose principalmente a nivel de caracteres de grano. Es interesante mencionar, que de los grupos analizados, éste presentó el menor valor de superficie foliar total (follaje).
- **grupo C**, mostró una conformación algo compleja. Mientras que las plantas presentaron ramificaciones secundarias en la panoja y forma de mazorca cilíndrica-cónica con irregular ubicación de los granos en ellas como caracteres diagnósticos, las características de grano fueron heterogéneas. Dentado Blanco 1 (DB_1, ARZM 10083), Dentado Amarillo 1 (DA_1, ARZM09402) y Capia Variegado 2 (CaV_2, ARZM09212) presentaron grano dentado de superficie dentada, mientras que Capia Blanco 2 (CaB_2, ARZM09291) y Cuzco 1 (Cu_1, ARZM09209) presentaron grano harinoso de superficie redonda. Es importante destacar que la raza Capia Variegado es un maíz cuyo tipo de grano característico es harinoso, Capia Variegado 2 (CaV_2, ARZM09212) presentó esa característica fuera de tipo.
- **grupo D**, mostró amplias similitudes a nivel de caracteres de planta y mazorca y una mayor diferenciación a nivel de caracteres de grano. El mismo se dividió en:
 - D.1:** formado por Cristalino Amarillo 1 (CrA_1, ARZM10084) y Capia Garrapata 1 (CaG_1, ARZM09206), mostró los índices de follaje más altos.
 - D.2:** todos los integrantes del grupo presentaron grano con endosperma cristalino (duro) y forma redonda, con excepción de Morochito 2 (M_2, ARZM09257) que presentó una forma de grano dentado, y Pisingallo 1 (Pi_1, ARZM09277) con su característica forma de grano muy puntiagudo.

Cabe mencionar que, como raza, Morochito está caracterizada por presentar una forma de superficie de grano redonda.

D.3.1: los integrantes de este grupo presentaron grano con endosperma harinoso y forma redonda, salvo por Cuzco 1 (Cu_1, ARZM09307), que evidenció una forma de la superficie del grano puntiaguda, rasgo no característico de la raza Cuzco.

D.3.2: este subgrupo resultó bastante heterogéneo desde el punto de vista del tipo de grano. Dentado Amarillo 2 (DA_2, ARZM09381) y Capia Variegado 1 (CaV_1, ARZM09264) presentaron grano dentado, mientras que Dentado Blanco 2 (DB_2, ARZM09404) semidentado y Blanco de 8 Hileras 1 (B8H_1, ARZM09179) harinoso. En todos los casos la forma de la superficie del grano fue dentado. Hay que mencionar que la raza Capia Variegado se caracteriza por presentar un tipo de grano harinoso.

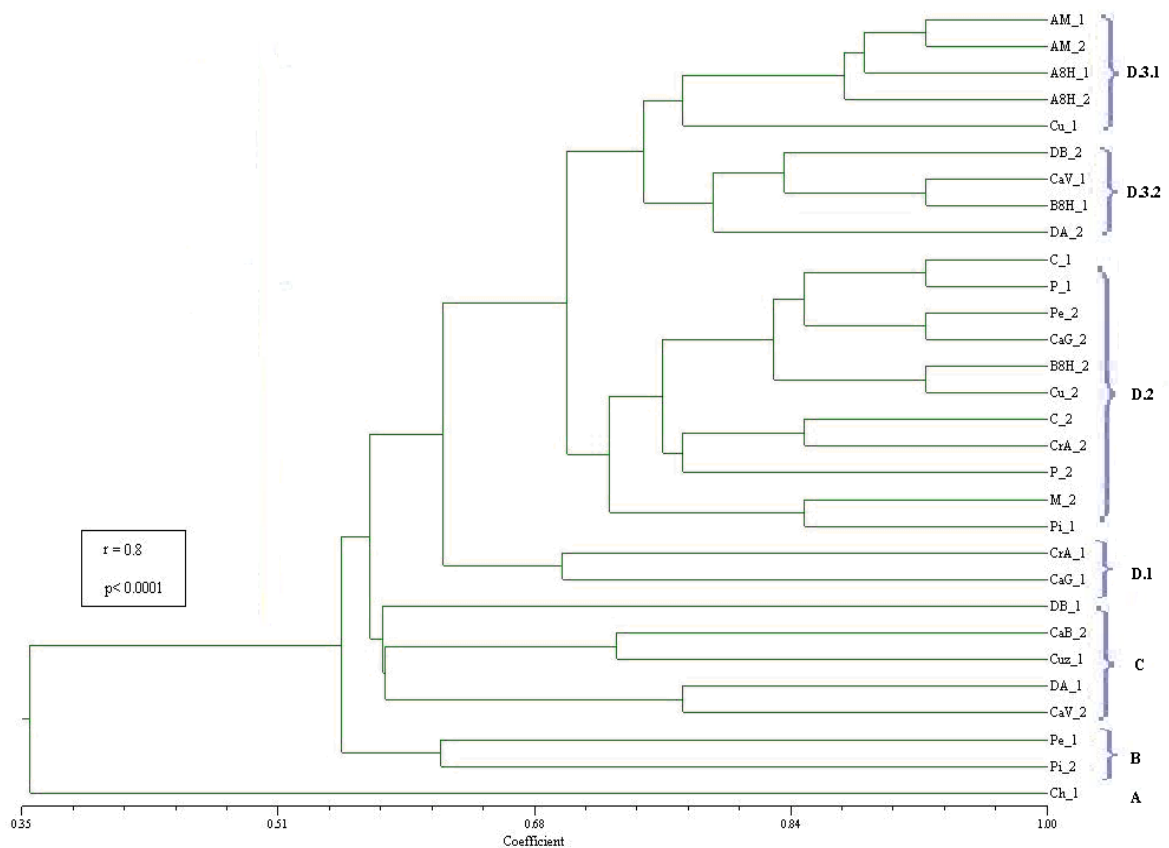


Figura R4. **Análisis de conglomerados.** Resultado obtenido a partir de la distancia de Emparejamiento Simple utilizando el método UPGMA en base a 13 caracteres cualitativos para 30 entradas de maíz del NOA.

R.1.4. Análisis conjunto de variables cuantitativas y cualitativas

Dado que los análisis cuantitativos y cualitativos generaron resultados diferentes, se llevó a cabo la unificación de los datos mediante un análisis de Procrustes Generalizados (APG). El análisis APG es una herramienta utilizada para llevar adelante una interpretación conjunta de diferentes fuentes de información disponible y por lo tanto más robusta. Basándose en el APG, se calculó la distancia euclídea entre las poblaciones y posteriormente se realizó un análisis de conglomerados con criterio de encadenamiento UPGMA mediante el cual se obtuvo la formación de tres grupos principales (Figura R5). En la tabla R6 se muestran los valores medios para los caracteres cuantitativos utilizados para la descripción morfológica de los grupos.

- **Grupo 1:** quedó conformado por Perla 2 (P_2, ARMZ09298), Perlita 1-2 (Pe_1-2, ARMZ09265-09220), Morochito 2 (M_2, ARMZ09257) y Pisingallo 1 (Pi_1, ARMZ09277), este grupo tiene gran afinidad con el grupo C1 (ACP) y Co1 (conglomerado). Las plantas de este grupo presentarían una altura baja y pocas hojas con tallo color verde-morado, con tendencia a macollar. Su panoja presenta pedúnculo largo y zona ramificada corta con pocas ramificaciones secundarias en la misma. Respecto a sus mazorcas, éstas serían de diámetro pequeño con buena cobertura, con alto número de hileras de grano pero con pocos granos por hilera generando un número de granos promedio de 351 granos.
- **Grupo 2:** formado por las entradas Capia Blanco 2 (CaB_2, ARMZ09291), Blanco de 8 Hileras 1 (B8H_1, ARMZ09179), Dentado Blanco 1-2, (DB_1-2, ARMZ 10083-09404), Capia Variegado 2 (CaV_2, ARMZ09212), Dentado Amarillo 1 (DA_1, ARMZ09402), Cuzco 1 (Cuz_1, ARMZ09209), Pisingallo 2 (Pi_2, ARZM 09369) y Chulpi 1 (Ch_1, ARMZ09207). Este grupo estaría formado por las plantas de mayor altura y cantidad de hojas, con tallos generalmente de color verde. Su panoja presenta pedúnculo corto y zona ramificada larga con abundantes ramificaciones secundarias en el mismo. Sus mazorcas presentan el mayor diámetro y además poseen un número de hileras y de granos por hilera mayor que el grupo 1, produciendo un promedio de 364 granos por mazorca.

- **Grupo 3:** formado por Avatí Morotí 1-2 (AM_1-2, ARMZ09020-08025), Capia Garrapata 1-2 (CaG_1-2, ARMZ09206-09361), Culli 1-2 (Cu_1-2, ARMZ 09307-09197), Calchaqui 1-2 (C_1-2, ARMZ08068-08116), Amarillo de 8 Hileras 1-2 (A8H_1-2, ARMZ09178-09213), Cristalino Amarillo 1-2 (CrA_1-2, ARMZ 10084-09380), Blanco de 8 Hileras 2 (B8H_2, ARMZ09183), Perla 1 (P_1, ARMZ 10082), Dentado Amarillo 2 (DA_2, ARMZ09381) y Capia Variegado 1 (CaV_1, ARMZ 09264). Los integrantes del grupo 3 presentan atributos que los ubicarían en una zona intermedia entre el grupo 1 y 2 en relación con los caracteres altura de planta, largo del pedúnculo y ramificaciones de la panoja, aunque la diferenciación entre este grupo y el grupo 2 es muy leve. El grupo se destaca por presentar la mazorca con el menor número de hileras de granos promedio, pero presentando el mayor número de granos por hilera, teniendo como resultado el mayor número de granos por mazorca (375 granos).

Tabla R6. Análisis de Consenso. Valores medios de los caracteres más relevantes para la comparación entre grupos formados mediante APG. M= media, DE= desvío.

	Grupo 1		Grupo 2		Grupo 3	
	M	DE	M	DE	M	DE
ALTPL	125,10	15,71	181,29	21,31	166,47	21,65
ALTMZ	47,76	10,31	94,79	18,77	84,97	19,29
NH	9,74	1,05	13,34	1,90	13,57	10,46
NM	1,15	1	0,53	0,84	0,97	1,13
LR	8,97	3,30	15,42	3,40	14,32	3,12
LPE	21,70	4,12	19,17	4,80	18,72	5,33
NR2	2,68	2,49	8,81	4,73	7,26	3,87
NHG	13,76	2,02	12,04	2,58	11,55	1,42
DMZ	3,72	0,08	4,24	0,31	3,97	0,25
NGH	25,50	3,73	30,20	3,80	32,50	3,01

Abreviaturas: **ALTPL:** Altura Planta, **ALTMZ:** Atura de la Mazorca más Alta, **NH:** Número de Hojas, **NM:** Número de Macollos, **LR:** Longitud de Ramificación Panoja, **LPE:** Longitud de Pedúnculo de Panoja, **NR2:** Número de ramificaciones 2° en Panoja, **NHG:** Número de Hileras de Grano, **DMZ:** Diámetro Mazorca, **NGH:** Número de Granos por Hilera.

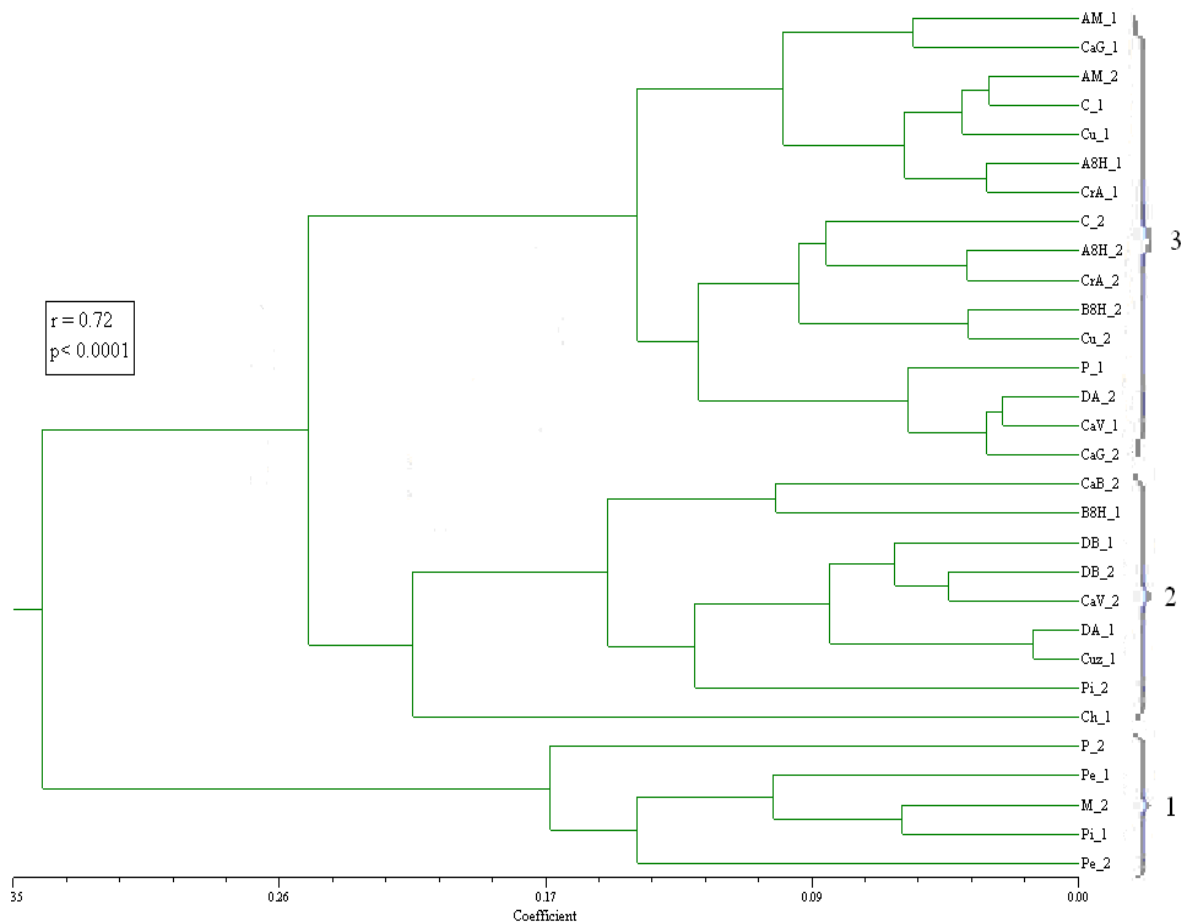


Figura R5. **Análisis de Procrustes Generalizado**. Conglomerado consenso obtenido mediante la unión de datos cuantitativos y cualitativos pertenecientes a 30 entradas de maíz del NOA.

Dentro de los diferentes grupos, los caracteres de grano presentaron gran heterogeneidad, por lo que es probable que fueran estos los responsables de la diferenciación de las poblaciones a bajos valores de distancia. Los valores medios de distancias euclídeas para los diferentes grupos se encuentran en Apéndice (Apéndice, Tabla A3).

R.2. Variabilidad Molecular

R.2.1. Estimas de Diversidad

El análisis de 628 individuos pertenecientes a 40 entradas de poblaciones nativas de maíz de los Valles del NOA utilizando 22 *loci* microsátélites reveló un total de 435 alelos, un valor de heterocigosis esperada (He) promedio por población de 0,73 y un valor de heterocigosis observada (Ho) promedio por población de 0,59, mientras que el valor de riqueza alélica media (Rs) fue de 5,5.

Todos los marcadores ensayados en este trabajo resultaron polimórficos (criterio 99 y 95%) con un promedio de alelos por *locus* (A) de 19,75, aunque el número de alelos generados por los diferentes marcadores presentó un rango amplio, rango el cual fue desde nueve (phi 119) a 43 (bnlg 244) alelos. La heterocigosis observada (Ho) y la esperada (He) estimadas para los diferentes *loci* sobre el conjunto total de individuos mostraron al *locus* bnlg 1182 (Ho = 0,101 y He = 0,392) y a los *loci* bnlg 1070 (Ho = 0,81) y bnlg 244 (He = 0,957) como el menos y los más variables, respectivamente (Tabla R7).

Tabla R7. Estimas de diversidad para los 22 *loci* microsátélites incluidos en este trabajo. Ho = heterocigosis observado, He = heterocigosis esperada.

	bnlg1017	bnlg1209	bnlg1287	bnlg1740	bnlg1866	phip119
Ho	0,793 +/- 0,117	0,587 +/- 0,149	0,641 +/- 0,158	0,578 +/- 0,178	0,733 +/- 0,139	0,556 +/- 0,182
He	0,859 +/- 0,065	0,639 +/- 0,125	0,665 +/- 0,105	0,709 +/- 0,095	0,781 +/- 0,056	0,606 +/- 0,173
	bnlg252	bnlg244	bnlg1014	bnlg1732	bnlg149	bnlg1917
Ho	0,647 +/- 0,155	0,789 +/- 0,091	0,526 +/- 0,184	0,555 +/- 0,198	0,583 +/- 0,148	0,676 +/- 0,151
He	0,687 +/- 0,093	0,956 +/- 0,034	0,646 +/- 0,121	0,683 +/- 0,114	0,834 +/- 0,066	0,864 +/- 0,072
	bnlg2132	bnlg1108	bnlg1070	bnlg1182	bnlg1194	bnlg1526
Ho	0,460 +/- 0,187	0,616 +/- 0,223	0,810 +/- 0,158	0,101 +/- 0,181	0,676 +/- 0,204	0,528 +/- 0,212
He	0,727 +/- 0,111	0,667 +/- 0,121	0,854 +/- 0,078	0,392 +/- 0,203	0,887 +/- 0,067	0,797 +/- 0,098
	bnlg1018	bnlg1329	bnlg1360	phip072		
Ho	0,603 +/- 0,202	0,289 +/- 0,181	0,667 +/- 0,125	0,464 +/- 0,202		
He	0,961 +/- 0,103	0,490 +/- 0,214	0,880 +/- 0,61	0,456 +/- 0,181		

Desde el punto de vista de Rs, el *locus* que mostró mayor polimorfismo fue bnlg 244 (Rs= 11,15), mientras que el menos variable fue phi 072 (Rs= 3,1).

En las distintas poblaciones, el valor A presentó un rango de 5,2 a 8,6 alelos. Los mayores valores fueron obtenidos para las entradas Perla 2 (P_2, ARZM09298), Dentado Blanco 2 (DB_2, ARZM09404), Capia Variegado 1 (CaV_1, ARZM09264), Cristalino

Amarillo 2 (CrA_2, ARZM09380) y Morochito 1 (M_1, ARZM09210) con un A superior a ocho. Las estimas más bajas correspondieron a Bolita 1 (B_1, NA_1), Bolita 2 (B_2, NA_2), Avatí Morotí 1 (AM_1, ARZM09020), Pisingallo 2 (Pi_2, ARZM 09369) y Capia Blanco 2 (CaB_2, ARZM09291) con valores de A inferiores a seis. (Tabla R8). La georreferenciación de las poblaciones y sus estimas de A se presentan en la Figura R6.

Tabla R8. Diversidad genética. Estimaciones para 40 entradas de maíz de los Valles. N: individuos analizados por entrada. A: número promedio de alelos. Ho: heterocigosis observada promedio. He: heterocigosis esperada promedio. Rs: riqueza alélica promedio. A.E: alelos exclusivos. NA: no asignado. Abrev: abreviatura. Los valores medios de Rs se estimaron a partir de 7 individuos por entrada, los desvíos de los valores medios se encuentran en apéndice (Tabla A4).

Identificador	Abrev.	N	A	Ho	He	Rs	A. E.
ARZM09020	AM_1	16	5,68	0,550	0,691	4,947	1
ARZM08025	AM_2	16	6,32	0,648	0,698	5,223	2
ARZM08068	C_1	14	6,14	0,539	0,737	5,107	0
ARZM08116	C_2	16	6,14	0,616	0,736	5,437	1
ARZM10082	P_1	16	7,27	0,634	0,799	6,381	2
ARZM09298	P_2	16	8,59	0,632	0,743	4,840	2
ARZM09265	Pe_1	16	6	0,459	0,627	4,772	0
ARZM09220	Pe_2	16	6,05	0,553	0,709	5,066	3
ARZM10083	DB_1	16	6,50	0,566	0,787	6,231	3
ARZM09404	DB_2	16	8,23	0,619	0,767	5,782	1
ARZM09178	A8H_1	16	7,32	0,636	0,769	6,081	2
ARZM09213	A8H_2	16	7,95	0,618	0,747	5,823	1
ARZM09283	CaB_1	13	7,68	0,557	0,697	4,755	0
ARZM09291	CaB_2	16	5,77	0,589	0,699	5,233	1
ARZM09377	CaA_1	16	6,50	0,585	0,700	5,805	0
ARZM09378	CaA_2	16	7,59	0,621	0,720	5,777	1
ARZM09402	DA_1	16	7,86	0,612	0,767	5,985	1
ARZM09381	DA_2	16	7,50	0,604	0,746	5,830	0
ARZM09264	CaV_1	15	8,05	0,531	0,732	5,506	0
ARZM09212	CaV_2	15	6,86	0,585	0,738	5,702	0
ARZM10084	CrA_1	16	6,91	0,578	0,807	6,376	1
ARZM09380	CrA_2	16	8,48	0,630	0,723	5,625	1
ARZM09183	B8H_1	16	7,41	0,596	0,744	5,686	1
ARZM09179	B8H_2	16	7,23	0,644	0,802	6,488	1
ARZM09210	M_1	15	8,55	0,463	0,732	5,512	3
ARZM09257	M_2	16	6,86	0,572	0,680	4,980	0
ARZM09206	CaG_1	14	6,18	0,510	0,745	5,480	0
ARZM09361	CaG_2	16	6,45	0,583	0,702	5,304	1
ARZM09228	CaR_1	16	6,86	0,612	0,727	5,636	0
ARZM09239	CaR_2	16	7,27	0,645	0,729	5,770	2
ARZM09277	Pi_1	15	7,41	0,448	0,702	4,690	1
ARZM09369	Pi_2	16	5,41	0,640	0,749	5,380	1
ARZM09209	Cuz_1	16	6,59	0,511	0,689	5,435	0
ARZM09366	Cuz_2	16	6,82	0,617	0,742	5,863	0
ARZM09307	Cu_1	15	7,45	0,561	0,719	5,546	1
ARZM09197	Cu_2	16	6,59	0,632	0,698	5,439	0
ARZM09207	Ch_1	16	7,09	0,564	0,752	5,658	0
ARZM09249	Ch_2	16	7,38	0,687	0,729	5,632	1
NA-1	B_1	16	5,18	0,614	0,631	4,386	0
NA-2	B_2	16	5,86	0,604	0,678	4,768	0

Las estimas de H_o variaron entre 0,448 y 0,687. Los valores más altos correspondieron a las poblaciones Chulpi 2 (Ch_2, ARZM09249), Capia Rosado 2 (CaR_2, ARZM09239), Pisingallo 2 (Pi_2, ARZM09369), Blanco de 8 Hileras 2 (B8H_2, ARZM09179) y Avatí Morotí 2 (AM_2, ARZM08025), mientras que los más bajos se encontraron para Perlita 1 (Pe_1, ARZM09265), Morochito 1 (M_1, ARZM09210) y Pisingallo 1 (Pi_1, ARZM09277) con valores superiores a 0,64 e inferiores a 0,5, respectivamente.

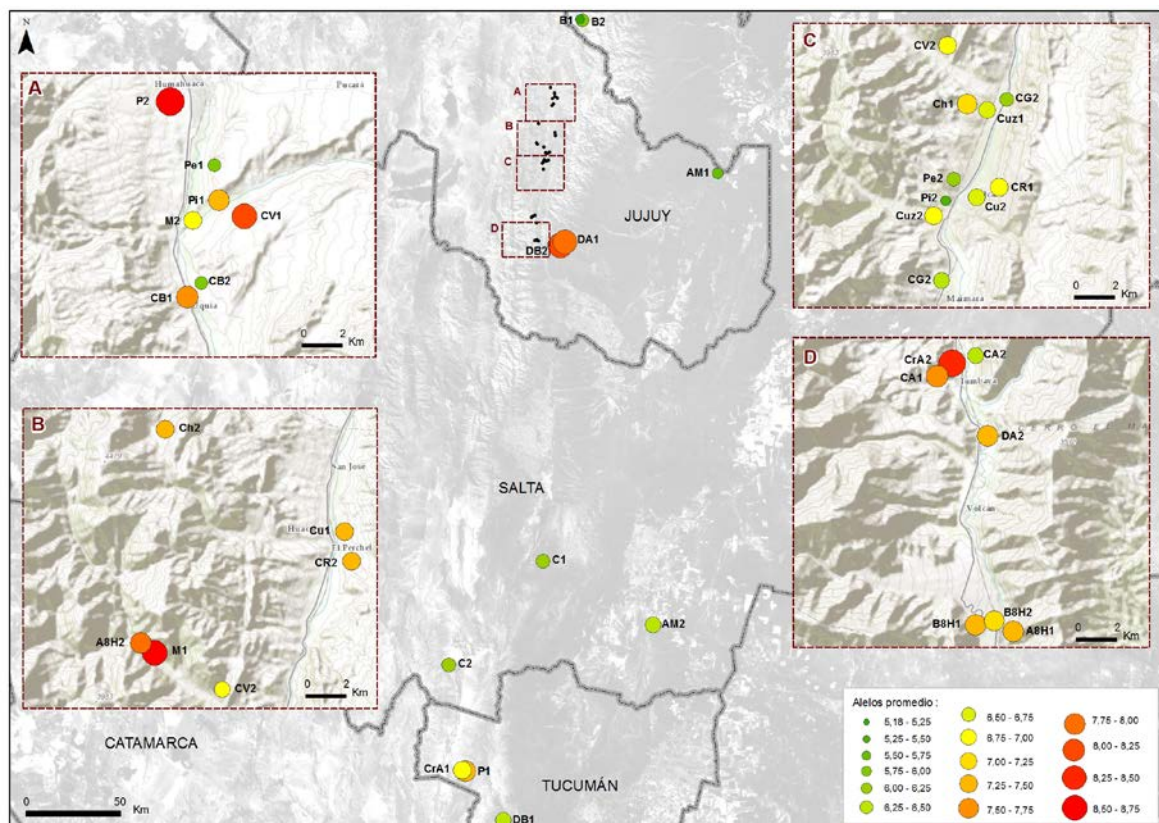


Figura R6. Georreferenciación del Número promedio de alelos (A). La diferencia en color y tamaño de los círculos indican la diferencia entre las estimas de las distintas poblaciones.

Los valores de H_e por población oscilaron entre 0,627 y 0,807. Las entradas más variables según este índice fueron: Cristalino Amarillo 1 (CrA_1, ARZM10084), Blanco de Hileras 2 (B8H_2, ARZM09179), Perla 1 (P_1, ARZM10082) y Dentado Blanco 1 (DB_1, ARZM10083) con estimas de H_e superiores a 0,78. Los valores más bajos se observaron en las poblaciones Perlita 1 (Pe_1, ARZM09265) y Bolita 1 (B_1, NA_1), las dos por debajo de 0,65. En la Figura R7, se presenta la georreferenciación de las

poblaciones y sus estimas de He. En todos los casos las estimas de Ho fueron menores a las de He (Tabla R8).

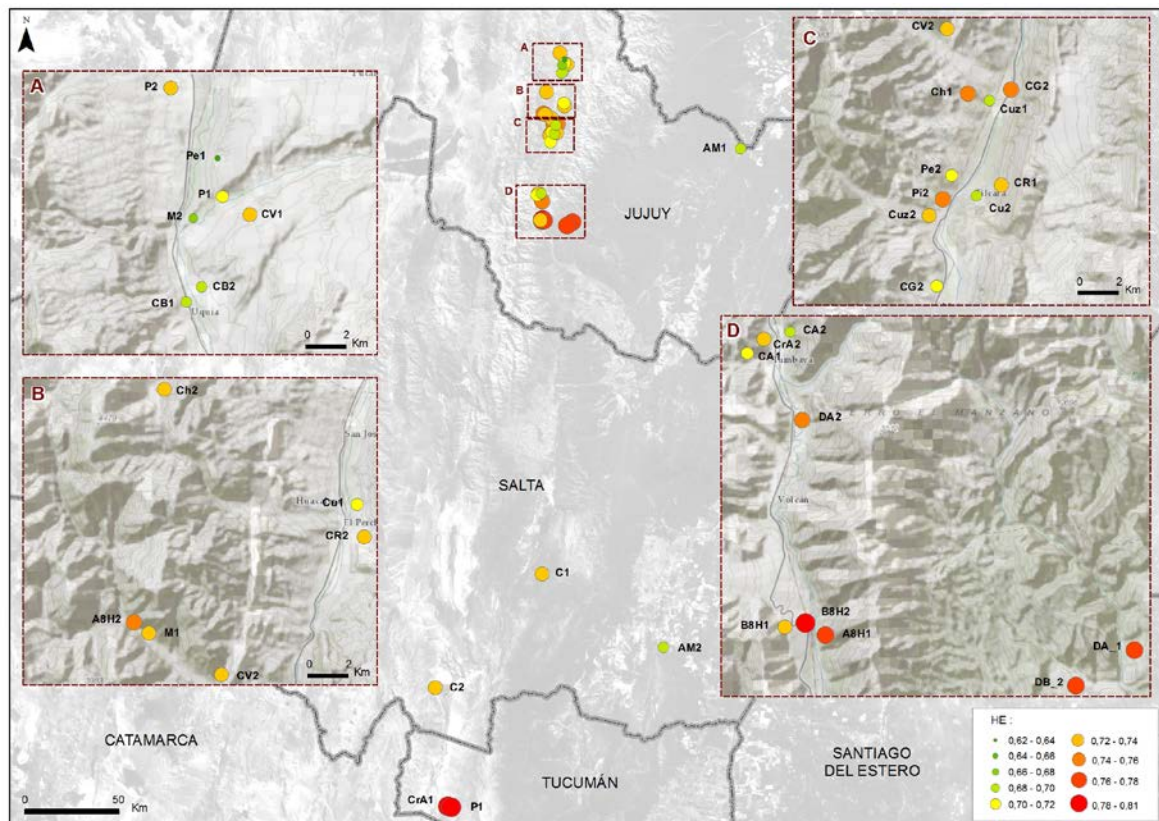


Figura R7. Georreferenciación de la Heterocigosis esperada promedio (He). La diferencia en color y tamaño de los círculos indican la diferencia entre las estimas de las distintas poblaciones.

Los valores de Rs promedio, fluctuaron desde un mínimo de 4,39 hasta un máximo de 6,49. Los valores más altos de este índice correspondieron a las entradas Blanco de 8 Hilas 2 (B8H_2, ARZM09179), Cristalina Amarillo 1 (CrA_1, ARZM10084), Perla 1 (P_1, ARZM10082), Dentado Blanco 1 (DB_1, ARZM10083) y Amarillo de 8 Hilas 1 (A8H_1, ARZM09178), mientras que los más bajos se hallaron para Bolita 1 (B_1, NA_1), Pisingallo 1 (Pi_1, ARZM09277), Bolita 2 (B_2, NA_2), Capia Blanco 1 (CaB_1, ARZM09283) y Perlita 1 (Pe_1, ARZM09265). Las estimas obtenidas para el primer grupo fueron superiores a 6, mientras que para el segundo grupo las mismas fueron inferiores a 4,8. Las estimas para cada población (Tabla R8) fueron calculadas en base a 18 de los 22 marcadores SSR y siete individuos, su georreferenciación se muestra en la Figura R8.

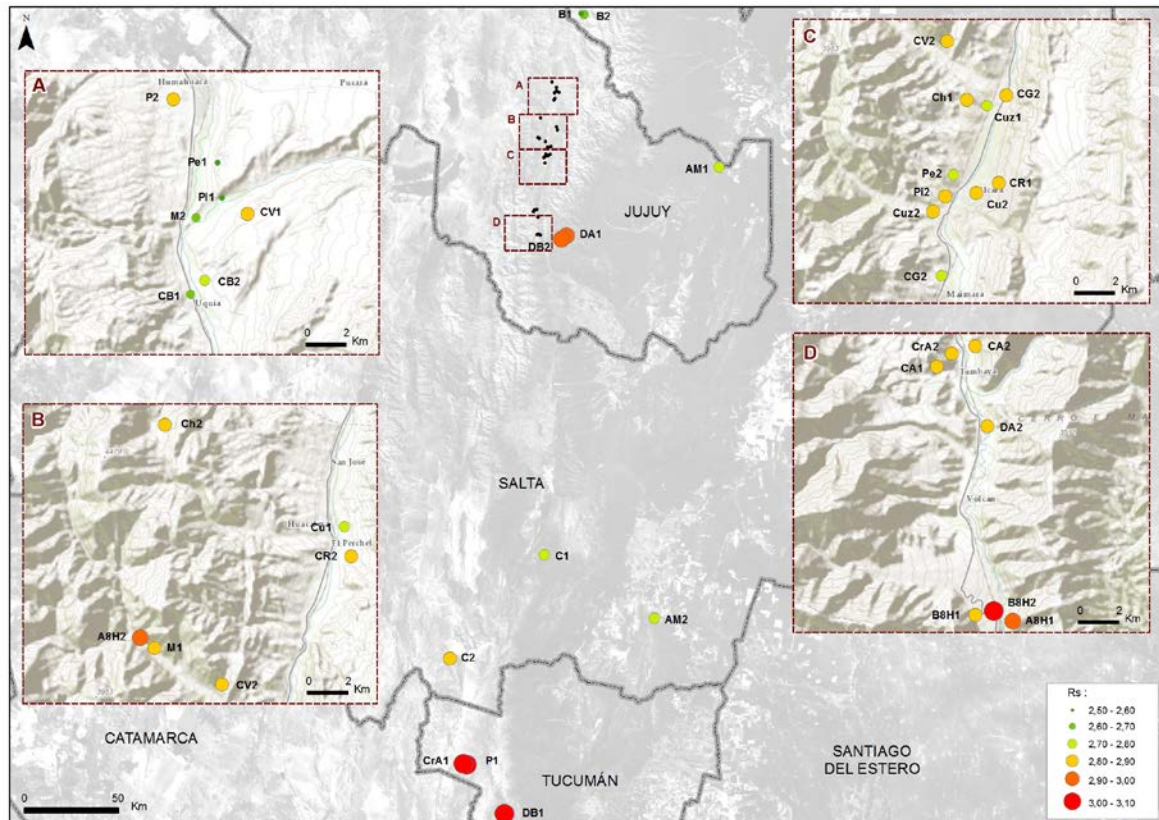


Figura R8. **Georreferenciación de la Riqueza alélica (Rs).** La diferencia en color y tamaño de los círculos indican la diferencia entre las estimas de las distintas poblaciones.

Los datos completos por *locus* obtenidos para A, He, Rs, número de alelos exclusivos y desvíos de los valores medios de las 40 entradas analizadas en este trabajo se encuentran en la sección Apéndice (Apéndice Tabla A4).

R.2.2. Alelos exclusivos

Si consideramos alelos exclusivos (A.E) de cada población a aquellos alelos que sólo aparecen en una población y no en el resto de las poblaciones analizadas, el número total de alelos encontrados fue de 35, aproximadamente el 8% de los alelos totales, los cuales se hallaron en 24 de las 40 poblaciones analizadas, alcanzando un máximo de tres alelos en la población Perlita 2 (Pe_2, ARZM09220), Morochito 1 (M_1, ARZM09210) y Dentado Blanco 1 (DB_1, ARZM10083) (Tabla R8).

La frecuencia de los A.E en todos los casos fue superior al 3%, aunque 18 de los 35 alelos presentaron frecuencias que no sobrepasaron el 5%, considerándose los entonces alelos pocos frecuentes. El 63% de los marcadores utilizados en este trabajo presentaron

A.E asociados, siendo phi 072 (A.E.= 6), el que presentó el mayor número, mientras que el A.E con mayor frecuencia (18,8%) estuvo asociado al marcador bnlg 1182 (Figura R9).

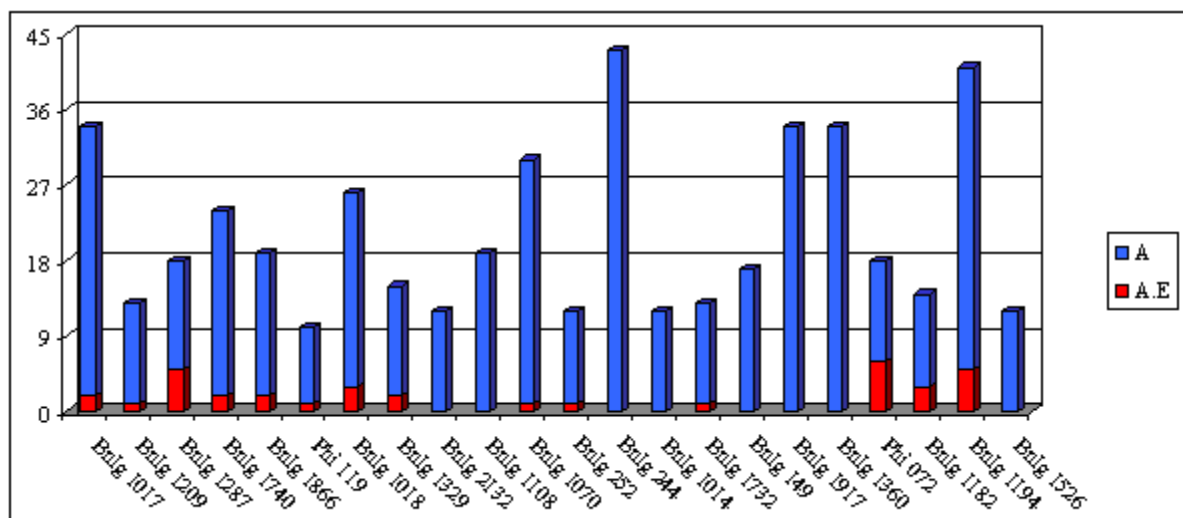


Figura R9. Número de alelos exclusivos (A.E) y número de alelos (A) por locus en 40 poblaciones de maíz de los Valles del NOA. Análisis basado en 22 marcadores SSR

R.3. Estructura poblacional

R.3.1. Equilibrio de Hardy-Weinberg

De las 40 poblaciones o entradas analizadas, sólo cinco exhibieron un patrón global de ajuste a las proporciones de Hardy-Weinberg (Tabla R9), mientras que el resto presentó un exceso de homocigotas. En ningún caso se detectó exceso de heterocigotas. El análisis *locus* por *locus* mostró una media de 2,7 *loci* con desvíos del equilibrio de H-W por población. La población con mayor proporción de *loci* con diferencias significativas respecto de la panmixia fue Morocho 1 (M_1, ARZM09210) con siete *loci*, seguido por Dentado Blanco 1 (DB_1, ARZM10083) y Cristalino Amarillo 1 (CrA_1, ARZM10084) con seis *loci*. Con respecto a los marcadores, el *locus* bnlg 1526 (cromosoma 10) registró el mayor número de desvíos, mostrando falta de ajuste a las proporciones esperadas en el 45% de las poblaciones.

Tabla R9. Ajuste a las proporciones de equilibrio de Hardy-Weinberg en base al índice F_{IS} de Wright. Las casillas en color muestran los *loci* con desvíos respecto del equilibrio H-W. Los valores de significación fueron corregidos para comparaciones múltiples según Bonferroni. NA= no asignado. ID= identificador.

Raza	ID	bnlg1017	bnlg1209	bnlg1287	bnlg1740	bnlg1866	phi119	bnlg1018	bnlg1329	bnlg2132	bnlg1108	bnlg1070	bnlg252	bnlg244	bnlg1014	bnlg1732	bnlg149	bnlg1917	bnlg1360	phi072	bnlg1182	bnlg1194	bnlg1526	F_{IS} Globales	
AM_1	09020																				NA			0.170	
AM_2	08025																								0.079
C_1	08068																								0.268
C_2	08116																								0.169
P_1	10082																								0.211
P_2	09298																					NA			0.107
Pe_1	09265																								0.275
Pe_2	09220																					NA			0.182
DB_1	10083																								0.286
DB_2	09404																								0.191
A8H_1	09178																								0.176
A8H_2	09213																					NA			0.133
CaB_1	09283																					NA			0.162
CaB_2	09291																					NA			0.123
CaA_1	09377																								0.164
CaA_2	09378																								0.136
DA_1	09402																								0.203
DA_2	09381																								0.152
CaV_1	09264																					NA			0.259
CaV_2	09212																					NA			0.173
CrA_1	10084																					NA			0.299
CrA_2	09380																					NA			0.088
B8H_1	09179																								0.198
B8H_2	09183																								0.196
M_1	09210																					NA			0.336
M_2	09257																					NA			0.117
CaG_1	09206																					NA			0.270
CaG_2	09361																					NA			0.130
CaR_1	09228																					NA			0.115
CaR_2	09239																					NA			0.073
Pi_1	09277																					NA			0.331
Pi_2	09369																					NA			0.105
Cuz_1	09209																					NA			0.223
Cuz_2	09366																					NA			0.129
Cu_1	09307																					NA			0.179
Cu_2	09197																								0.095
Ch_1	09207																					NA			0.175
Ch_2	09249																								0.018
B_1	NA-1																								-0.016
B_2	NA-2																								0.065

R.3.2. Estudio de diferenciación genética

Al poner a prueba el ajuste de los datos al modelo de mutación de a pasos (SMM) mediante el método de Hardy *et al.* (2003), el resultado mostró que sólo tres de los 22 *loci* ensayados, bnlg 1740, 1866 y 1917 ajustaban a lo esperado según este modelo. Por esto, y debido a que el parámetro R_{ST} asociado al modelo SMM presenta mayor varianza que el parámetro F_{ST} asociado al modelo de alelos infinitos, se decidió optar por éste último para el estudio de diferenciación poblacional.

El análisis de diferenciación poblacional reveló que la variación entre poblaciones constituye el 9% de la diferenciación total, siendo ésta de grado moderado pero significativo ($F_{ST} = 0,09$; intervalo de confianza al 95% = 0,074-0,109).

Los valores de F_{ST} para el conjunto total de poblaciones (F_{ST} globales) para cada *locus* oscilaron entre 0,007 (bnlg 244) y 0,264 (bnlg 1329), mostrando distinto grado de diferenciación siendo en todos los casos significativos (Tabla R10).

Tabla R10. Estudio de diferenciación. Estimaciones de los valores de diferenciación (F_{ST} globales) por *locus* entre poblaciones. IC = Intervalo de confianza al 95% generado mediante método *Jackknife*.

<i>Locus</i>	F_{ST}	IC	<i>Locus</i>	F_{ST}	IC
bnlg 244	0,007	(0,001-0,013)	bnlg 1287	0,087	(0,072-0,102)
bnlg 1018	0,063	(0,048-0,078)	bnlg 1866	0,093	(0,085-0,101)
bnlg 1732	0,066	(0,053-0,079)	bnlg 1070	0,096	(0,081-0,111)
bnlg 1108	0,070	(0,060-0,080)	bnlg 1917	0,096	(0,085-0,107)
bnlg 1017	0,073	(0,064-0,082)	bnlg 252	0,108	(0,090-0,126)
bnlg 149	0,075	(0,065-0,085)	phi 119	0,120	(0,098-0,142)
bnlg 1740	0,079	(0,066-0,092)	bnlg 1209	0,121	(0,103-0,139)
bnlg 1360	0,079	(0,070-0,088)	bnlg 2132	0,125	(0,106-0,144)
bnlg 1014	0,082	(0,068-0,096)	bnlg 1182	0,156	(0,130-0,182)
bnlg 1526	0,083	(0,068-0,098)	phi 072	0,171	(0,149-0,193)
bnlg 1194	0,086	(0,074-0,098)	bnlg 1329	0,264	(0,225-0,303)

Por su parte, el estudio de los valores de F_{ST} entre pares de poblaciones mostró que en pocos casos existen diferencias significativas en las frecuencias génicas, siendo destacable el grado de similitud entre poblaciones (Tabla R11). Todos los casos de comparaciones significativas involucraron a las poblaciones Capia Garrapata 2 (CaG_2, ARZM 09361), Capia Amarillo 2 (CaA_2, ARZM09378), Perlita 2 (Pe_2, ARZM09220), Capia Rosado 1 (CaR_1, ARZM09228) y Cristalino Amarillo 2 (CrA_2, ARZM09380).

R.3.3. Aislamiento por distancia

El análisis de correlación entre el índice de diferenciación genética F_{ST} entre pares de poblaciones, tomado como $F_{ST}/(1-F_{ST})$, y los valores de distancia geográfica (Figura R10a) o distancia altitudinal (Figura R10b), mostró la existencia de asociación entre las mencionadas variables. En ambos casos, la diferenciación aumentó conjuntamente con el aumento de la distancia, observándose una tendencia más marcada a la diferenciación entre las poblaciones en el caso de distancia en altitud ($r = 0,47$, $p < 0,01$) que en el caso de distancia geográfica ($r = 0,36$, $p < 0,01$). Las matrices de distancia geográfica y altitud se presentan en apéndice (Apéndice, Tabla A5).

Cabe mencionar, que la distancia geográfica y la distancia en altura entre los sitios de muestreo de las poblaciones estuvieron correlacionadas de forma positiva y significativa ($r = 0,35$, $p < 0,05$).

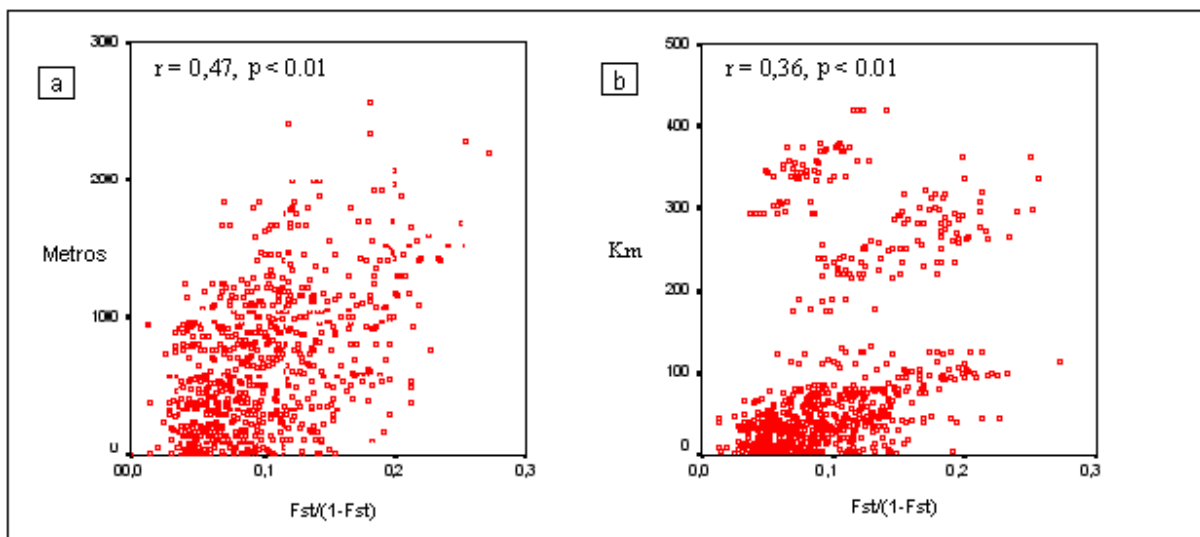


Figura R10. **Aislamiento por distancia.** Correlación entre estimas de diferenciación genética de a pares ($F_{ST}/1-F_{ST}$) versus (a): diferencia de altura en metros (m) y (b): distancia geográfica en kilómetros (Km).

Dado que la diferenciación entre poblaciones fue más marcada en relación al gradiente de altitud, se analizó la correlación entre altitud y los estimadores de diversidad genética H_e y R_s para establecer la existencia de efectos de la altura sobre los estimadores de diversidad. Los resultados mostraron la disminución de los valores de los estimadores de diversidad con el aumento de la altitud (Figura R11).

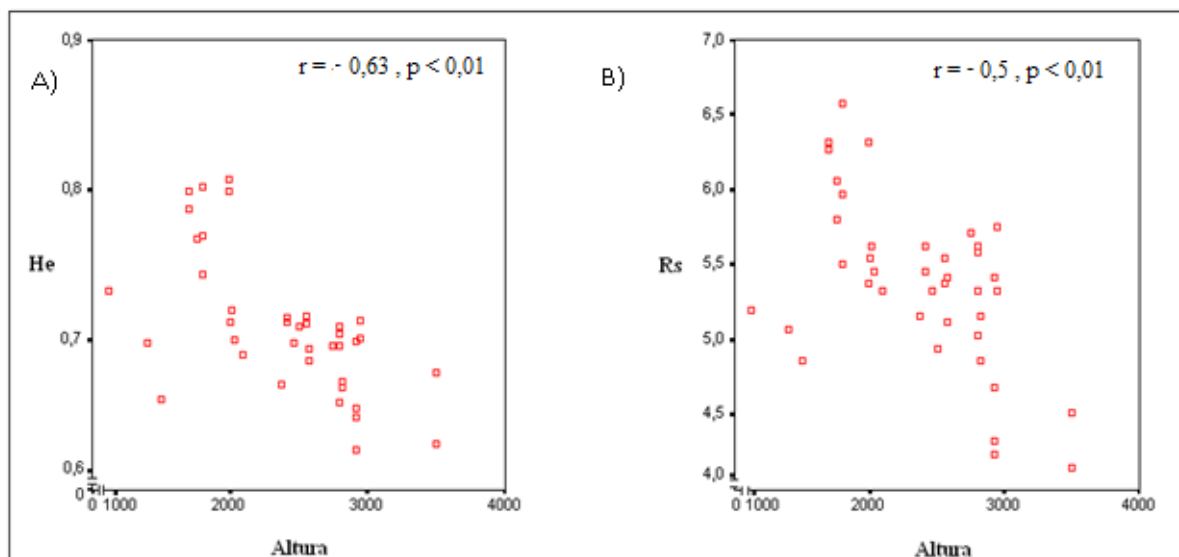


Figura R11. **Correlación entre diversidad genética y altitud.** A) Disminución de He (heterocigosis esperada) en relación al aumento de la altitud. B) Disminución de Rs (riqueza alélica) en relación del aumento de altitud. Altura medida en metros. Los ejes fueron alterados para mejor visualización.

Los estimadores A y A.E. no presentaron correlación significativa con el cambio de altura, resultando ser, en principio, independientes de dicho factor.

R.3.4. Método bayesiano para el análisis de la estructura poblacional

Para analizar con más detalle los patrones de diferenciación y establecer grupos por afinidad genética, se llevó a cabo un análisis de agrupamiento mediante el método bayesiano de asignación de individuos (Pritchard *et al.*, 2000).

Los resultados del análisis de estructura poblacional sobre un total de 521 individuos mostraron que los valores de probabilidad media para valores mayores a $K=6$ se mantuvieron relativamente similares (Figura R12). Este resultado indica que valores superiores a seis grupos genéticos sobreestimarían el grado de estructura genética del conjunto de individuos. Las estimas de probabilidad para los distintos valores de K se adjuntan en el apéndice (Apéndice, Tabla A6).

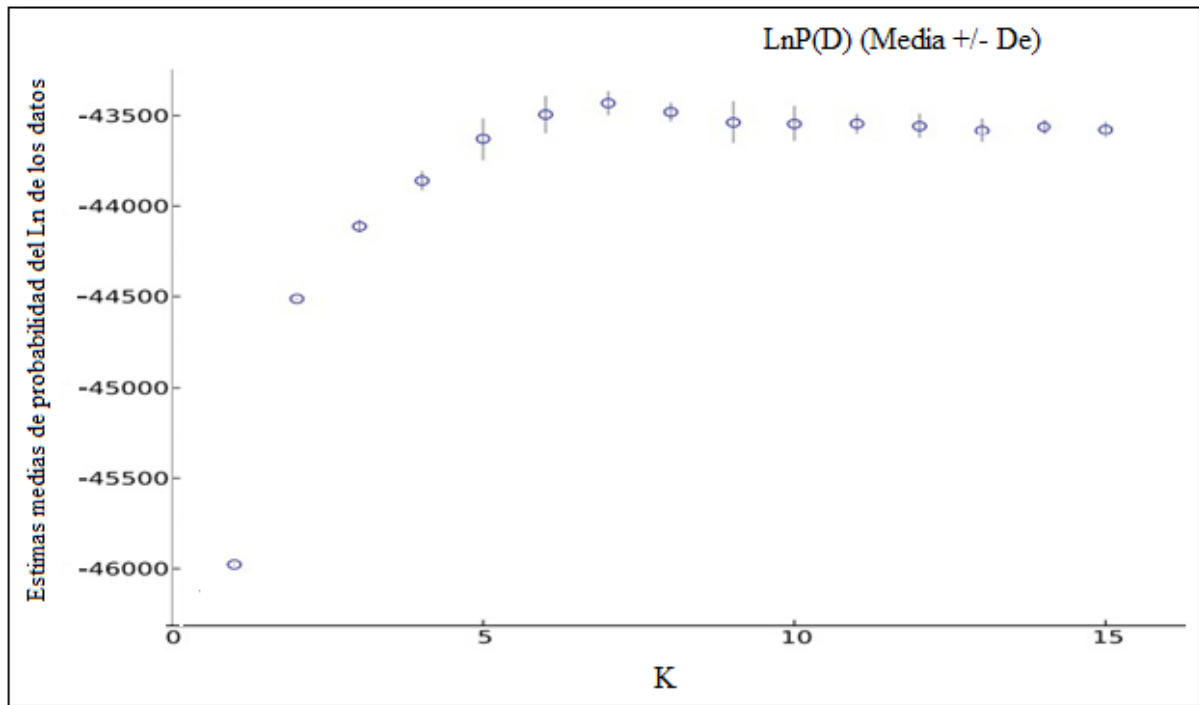


Figura R12. Análisis de estructura poblacional mediante el uso de aproximación bayesiana de Pritchard *et al.* (2000). Valores medios de probabilidad de los datos (LnP(D)) en función de K. De= desvio estandar

Como método para establecer el valor más probable de grupos genéticos se utilizó el estadístico *ad-hoc* ΔK desarrollado por Evanno *et al.* (2005). Al aplicar este método se obtuvo como valor más probable a $K=2$ ($\Delta K=894,3$), seguido por $K=3$ ($\Delta K=4,2$) grupos genéticos (Figura R13). Debido a que la diferencia entre $K=2$ y $K=3$ fue de dos órdenes de magnitud se estableció como valor más probable a $K=2$. Los valores de ΔK se adjuntan en apéndice (Apéndice, Tabla A7)

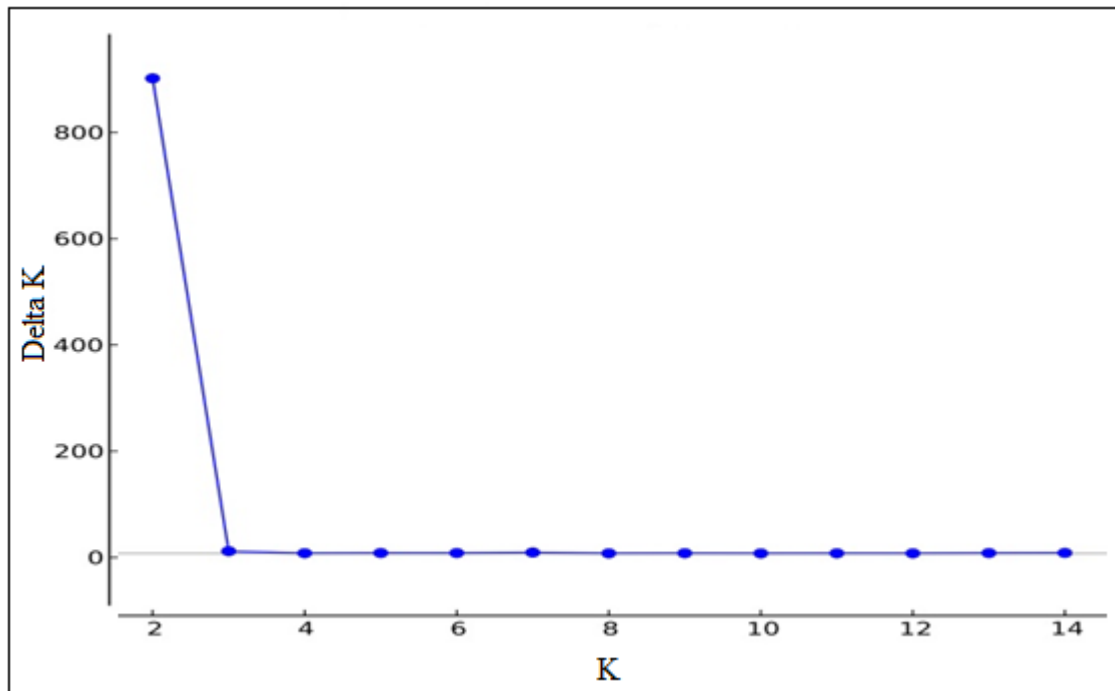


Figura R13. **Análisis de estructura poblacional mediante el uso de la aproximación bayesiana** Estimaciones del valor más probable de K mediante el método de Evanno *et al.* (2005) para 40 entradas de maíz analizadas mediante 22 marcadores SSR.

La composición de los dos grupos obtenidos para K=2 (Figura R14), fue de 11 (color rojo=conjunto genético 1) y 29 poblaciones (color verde=conjunto genético 2), respectivamente.

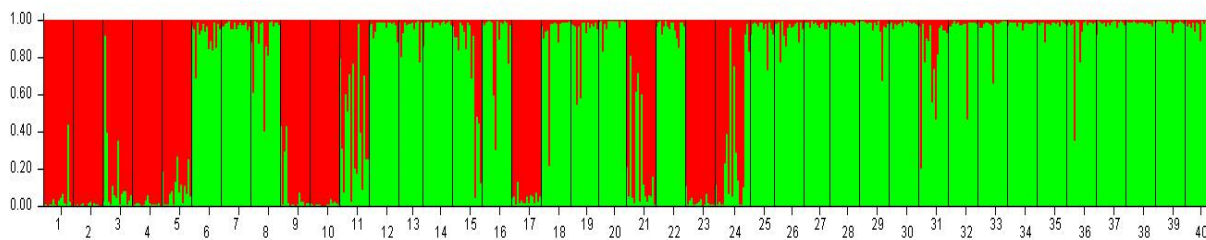


Figura R14. Análisis de la estructura poblacional de maíces del NOA mediante el método bayesiano de Pritchard *et al.* (2000). Cada línea vertical representa a un individuo. Los colores indican la contribución de cada una de las poblaciones inferidas (K) en la constitución de los genomas individuales. Las líneas negras indican los límites entre las poblaciones.

Nombre racial y número de entrada

Rojo: 1: Avatí Morotí (AM_1, 09020), 2: Avatí Morotí (AM_2, 08025), 3: Calchaquí (C_1, 08068), 4: Calchaquí (C_2, 08116), 5: Perla (P_1, 10082), 9: Dentado Blanco (DB_1, 10083), 10: Dentado Blanco (DB_2, 09404), 17: Dentado Amarillo (DA_1, 09402), 21: Cristalino Amarillo (CrA_1, 10084), 23: Blanco de 8 Hileras (B8H_2, 09183), 24: Blanco de 8 Hileras (B8H_1, 09179).

Verde: 6: Perla (P_2, 09298), 7: Perlita (Pe_1, 09265), 8: Perlita (Pe_2, 09220), 11: Amarillo de 8 Hileras (A8H_1, 09178), 12: Amarillo de 8 Hileras (A8H_2, 09213), 13: Capia Blanco (CaB_1, 09283), 14: Capia Blanco (CaB_2, 09291), 15: Capia Amarillo (CaA_2, 09378), 16: Capia Amarillo (CaA_1, 09377), 18: Dentado Amarillo (DA_2, 09381), 19: Capia Variegado (CaV_1, 09264), 20: Capia Variegado (CaV_2, 09212), 22: Cristalino Amarillo (CrA_2, 09380), 25: Morochito (M_1, 09210), 26: Morochito (M_2, 09257), 27: Capia Garrapata (CaG_1, 09206), 28: Capia Garrapata (CaG_2, 09361), 29: Capia Rosado (CaR_1, 09228), 30: Capia Rosado (CaR_2, 09239), 31: Pisingallo (Pi_1, 09277), 32: Pisingallo (Pi_2, 09369), 33: Cuzco (Cuz_1, 09209), 34: Cuzco (Cuz_2, 09366), 35: Culli (Cu_1, 09307), 36: Culli (Cu_2, 09197), 37: Chulpi (Ch_1, 09207), 38: Chulpi (Ch_2, 09249), 39: Bolita (B_1, NA1), 40: Bolita (B_2, NA2).

Las poblaciones pertenecientes al conjunto génico 1, mostraron un valor promedio de pertenencia al mismo de 0,87, siendo la población referida a la raza Blanco de 8 Hileras (B8H_1, ARMZ09179) la de menor valor de pertenencia (0,66), indicando esto un alto grado de mezcla de los individuos que forman dicha población.

Por otro lado, las poblaciones pertenecientes al conjunto génico 2, mostraron un valor promedio de pertenencia al mismo de 0,93, siendo en este caso Amarillo de 8 Hileras (A8H_1, ARMZ09178), la población con mayor grado de mezcla del grupo, estimándose para ella un valor de pertenencia de 0,62.

La estructuración de las entradas en dos grandes grupos es consistente con los niveles moderados de diferenciación hallada a través de los índices de Wright ($F_{ST}=0,09$). Sin embargo, la falta de señal para niveles inferiores de subdivisión también pudo deberse en parte, al alejamiento del equilibrio de Hardy-Weinberg que mostraron el 87,5% de las poblaciones analizadas, ya que el ajuste a las proporciones de Hardy-Weinberg es uno de los supuestos del método.

Por otro lado, teniendo en cuenta que las medidas de diversidad estuvieron negativamente correlacionadas con la altitud y que también se encontró un patrón de aislamiento por distancia en relación con la variable altitud es posible que la falta de señal

para valores de K superiores a dos pueda deberse a la existencia de una clina ambiental. La asignación de los individuos a los *clusters* se dificulta cuando existe variación gradual de las frecuencias alélicas o cuando se observa un patrón de aislamiento por distancia (Chen *et al.*, 2007). El modelo de estructura subyacente presente en el programa *Structure* no está bien adaptado a los datos en este tipo de escenario (Pritchard, 2010). En presencia de aislamiento por distancia, este modelo no discrimina correctamente entre los grupos, generando un aumento del número de poblaciones ideales y del grado de mezcla dentro de los mismos, niveles de estructuración ficticios y dificultad para su interpretación. Para establecer si la variación clinal de las frecuencias génicas influyó sobre el patrón de estructuración hallado, se analizó el comportamiento de los coeficientes de pertenencia a los conglomerados de las diferentes poblaciones obtenidos mediante *Structure*, en función de la altura y la distancia geográfica según lo propuesto por Chen *et al.* (2007). Para este análisis, se utilizaron los coeficientes de pertenencia obtenidos en $K=2$, donde las dos poblaciones ideales representarían los extremos del gradiente.

En la Figura R15, se observa la formación de dos grupos de poblaciones que coinciden en composición con aquellos generados por el análisis bayesiano para $K=2$ (Figura R14), el cual en principio, es independiente de la altura. Este resultado solo es esperado si existiese correlación entre la altura y la pertenencia de las poblaciones a los grupos ($r=0,7$, $p<0,01$), de otra manera la distribución de las mismas debería presentar mayor aleatoriedad en función de la altura.

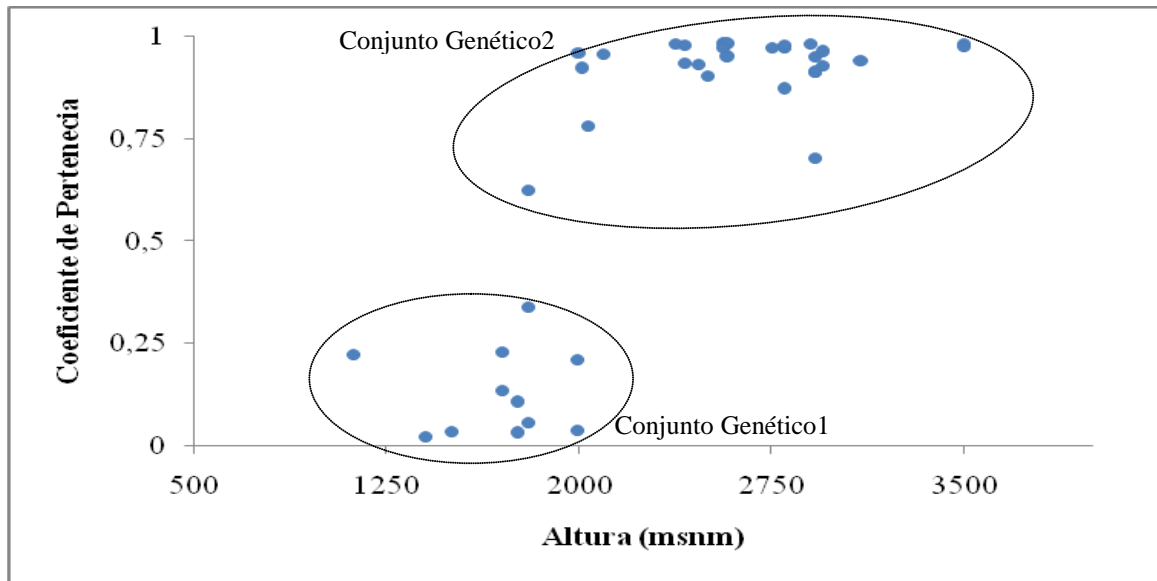


Figura R15. **Estudio clinal.** Relación entre los coeficientes de pertenencia obtenidos del análisis bayesiano para K=2 y la altura de colección de las poblaciones de maíz.

Mientras que la latitud y los coeficientes de pertenencia mostraron una falta de correlación ($r = 0,2$, $p = 0,22$), la longitud mostró estar significativamente correlacionada con los valores de pertenencia ($r = 0,65$, $p < 0,001$) (Figura R16). Pero, es muy importante tener en cuenta que la altura y la longitud están altamente correlacionadas ($r = 0,9$, $p < 0,001$), debido que principalmente el gradiente de altura tiene componente Oeste, y que la latitud y la altitud no presentaron correlación significativa ($r = 0,34$, $p = 0,3$).

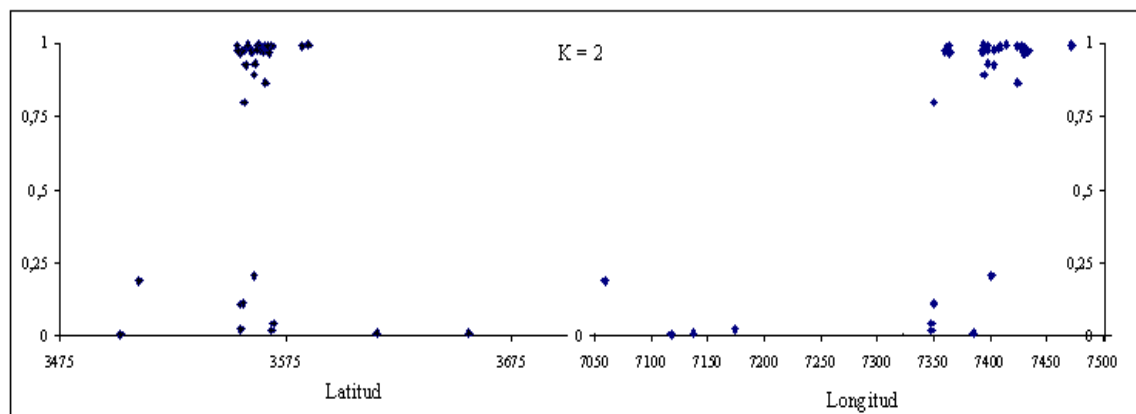


Figura R16. **Estudio clinal.** Relación entre los coeficientes de pertenencia obtenidos del análisis bayesiano para K= 2 y las coordenadas geográficas de los sitios de colección de las poblaciones de maíz.

Estos resultados, junto a la mayor correlación encontrada entre la altitud y diferenciación genética que entre distancia geográfica y genética, sugieren que la altura afecta a la estructuración poblacional en un mayor grado que la distancia geográfica (Figura R10a). Como resultado de este efecto, pudo observarse que el conjunto genético 1 y el conjunto genético 2 conformados mediante la utilización de la aproximación bayesiana se corresponden con los dos grupos definidos en función de la altitud. El primero de ellos, que llamaremos grupo “del bajo” que coincide con el grupo genético 1, pertenece a la zona baja del gradiente de altura (hasta los 1990 msnm) y está, integrado por las poblaciones Avatí Morotí 1 (AM_1, ARZM09020), Avatí Morotí 2 (AM_2, ARZM08025), Calchaquí 1 (C_1, ARZM08068), Calchaquí 2 (C_2, ARZM08116), Perla 1 (P_1, ARZM10082), Dentado Blanco 1 (DB_1, ARZM10083), Dentado Blanco 2 (DB_2, ARZM09404), Amarillo de 8 Hileras 1 (A8H_1, ARZM09178), Dentado Amarillo 1 (DA_1, ARZM09402), Cristalino Amarillo 1 (CrA_1, ARZM10084), Blanco de 8 Hileras 1 (B8H_1, ARZM09179) y Blanco de 8 Hileras 2 (B8H_2, ARZM09183). El segundo grupo, que llamaremos grupos “del alto” que coincide con el grupo genético 2, pertenece a la zona alta del gradiente (sobre los 2000 msnm) y está conformado por las poblaciones Perla 2 (P_2, ARZM09298), Perlita 1 (Pe_1, ARZM09265), Perlita 2 (Pe_2, ARZM09220), Amarillo de 8 Hileras 2 (A8H_2, ARZM 09213), Capia Blanco 1 (CaB_1, ARZM09283), Capia Blanco 2 (CaB_2, ARZM09291), Capia Amarillo 1 (CaA_1, ARZM09377), Capia Amarillo 2 (CaA_2, ARZM09378), Dentado Amarillo 2 (DA_2, ARZM09381), Capia Variegado 1 (CaV_1, ARZM09264), Capia Variegado 2 (CaV_2, ARZM09212), Cristalino Amarillo 2 (CrA_2, ARZM09380), Morochito 1 (M_1, ARZM09210), Morochito 2 (M_2, ARZM09257), Capia Garrapata 1 (CaG_1, ARZM09206), Capia Garrapata 2 (CaG_2, ARZM09361), Capia Rosado 1 (CaR_1, ARZM 09228), Capia Rosado 2 (CaR_2, ARZM09239), Pisingallo 1 (Pi_1, ARZM09277), Pisingallo 2 (Pi_2, ARZM09369), Cuzco 1 (Cuz_1, ARZM09209), Cuzco 2 (Cuz_2, ARZM 09366), Culli 1 (Cu_1, ARZM09307), Culli 2 (Cu_2, ARZM09197), Chulpi 1 (Ch_1, ARZM 09207), Chulpi 2 (Ch_2, ARZM09249), Bolita 1 (B_1, ARZM NA1) y Bolita 2 (B_2, ARZM NA_2).

R.3.5. Análisis Discriminante de Componentes Principales (ADCP)

Para explorar la posibilidad de la existencia de un mayor número de grupos genéticos significativos, se decidió emplear la técnica multivariada ADCP, la cual no presenta supuestos sobre la conformación genética de las poblaciones. Mediante la utilización de la misma, se estableció que el número más probable de grupos genéticamente diferentes fue de $K=4$ (Figura R17).

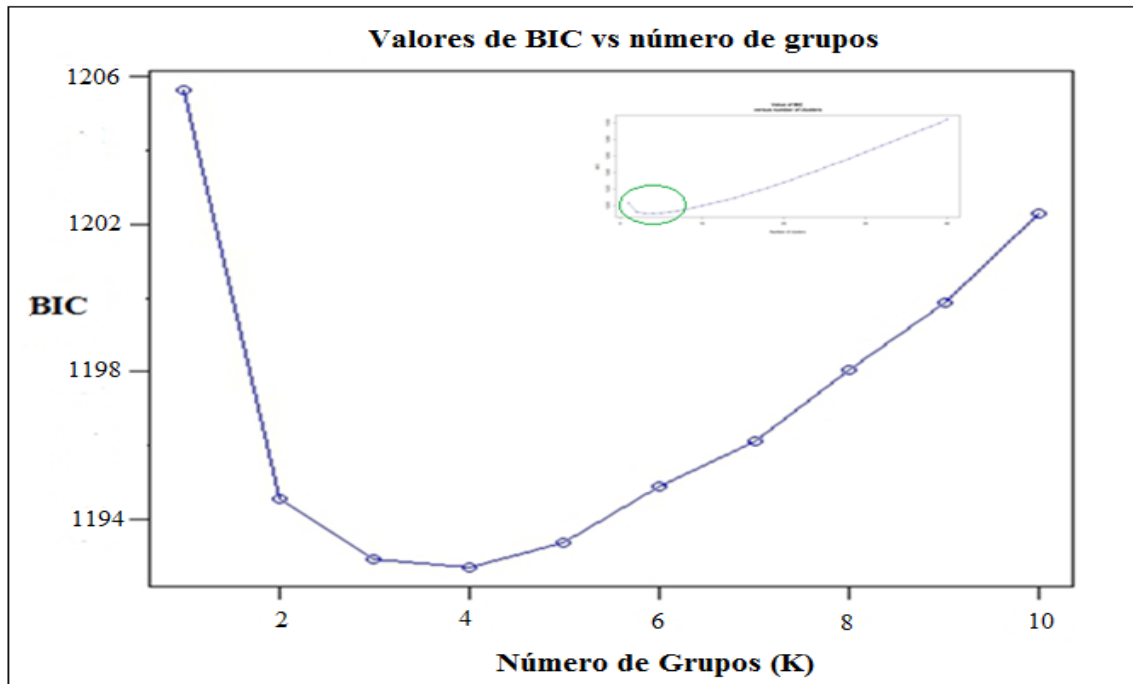


Figura R17. **Estimación del número de conjuntos genéticos (K)**. Se presenta el criterio de información bayesiano (BIC) para los diferentes números de grupos. La figura principal muestra la zona de la curva donde se establece el número más probable de grupos, mientras que la figura interna muestra el análisis para K entre 1 y 50.

Es importante mencionar que las diferencias obtenidas entre los valores de BIC para $K=3, 4$ y 5 no difirieron de forma apreciable, debido a esto es posible establecer un conjunto de valores K que representarían de manera similar la diferenciación genética entre los grupos y podrían ser utilizados para resumir y describir la variabilidad genética del conjunto de individuos aquí analizados. En la tabla R12, se muestran los valores de BIC para los primeros 10 grupos.

Tabla R12. Análisis del número de grupos genéticos para ADPC. Valores de BIC (*Bayesian Information Criterion*) estimados para los diferentes conjuntos de grupos genéticos. K= número de grupos genéticos. En negritas se destaca el valor más probable de poblaciones genéticas.

K	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
BIC	1203,5	1192,3	1190,7	1190,2	1191,2	1191,8	1194,3	1196	1197,1	1190,6

A fin de comparar estos resultados con los obtenidos en el análisis bayesiano, se decidió comenzar la descripción de los grupos genéticos encontrados desde K= 2, a pesar de que K= 2 no se encuentra dentro del conjunto de valores de K más probables, concluyendo la descripción en K= 5. En la Figura R18 se muestran la función discriminante correspondiente a K= 2.

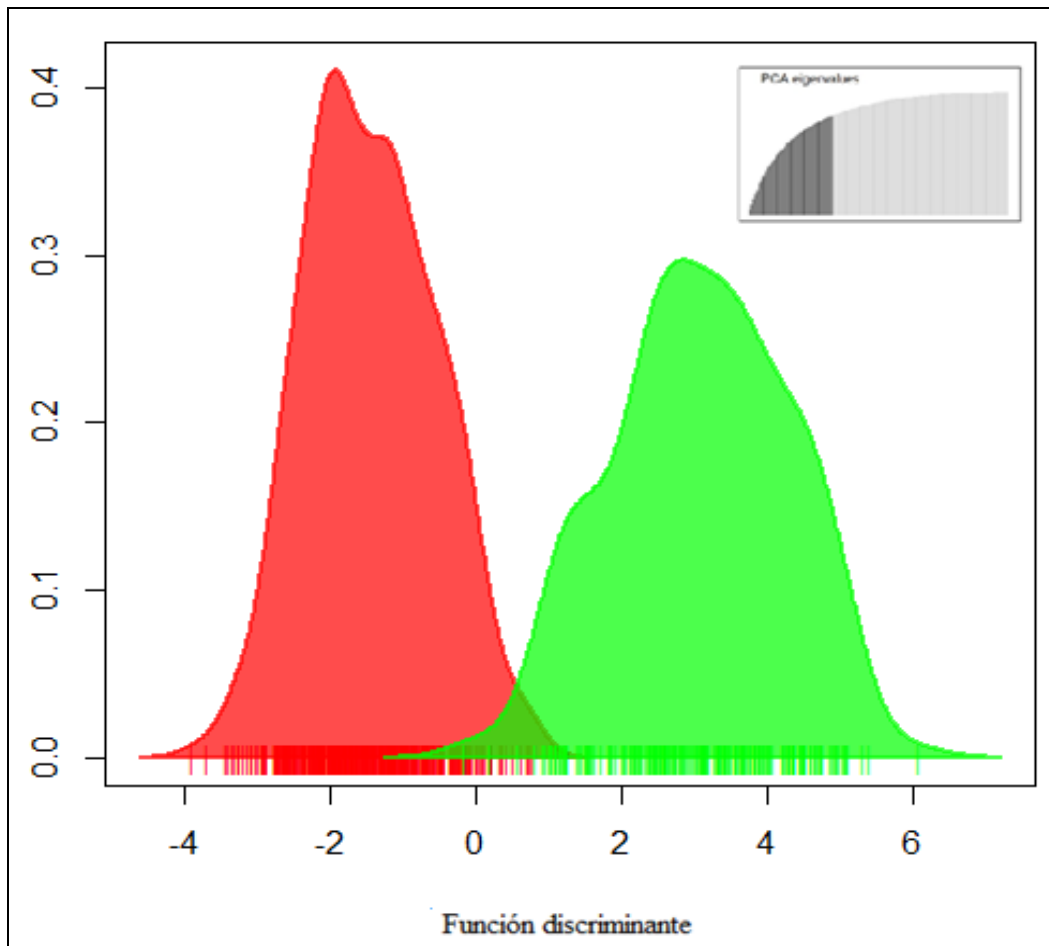


Figura R18. Estudio de Estructura mediante Análisis Discriminante de Componentes Principales. Gráfico obtenido a partir de la primera función discriminante para K= 2 grupos genéticos. Para realizar el análisis se utilizó el 80% de la varianza explicada por componentes principales (figura interna).

Los grupos genéticos obtenidos presentaron muy poco solapamiento, indicando esto un grado elevado de diferenciación. Asimismo, la composición de los grupos establecidos mediante ADCP para $K=2$ (Figura R19) fue consistente con la conformación de los conjuntos genéticos obtenidos mediante el análisis bayesiano (Figura R14), manteniéndose la separación según el gradiente altitudinal.

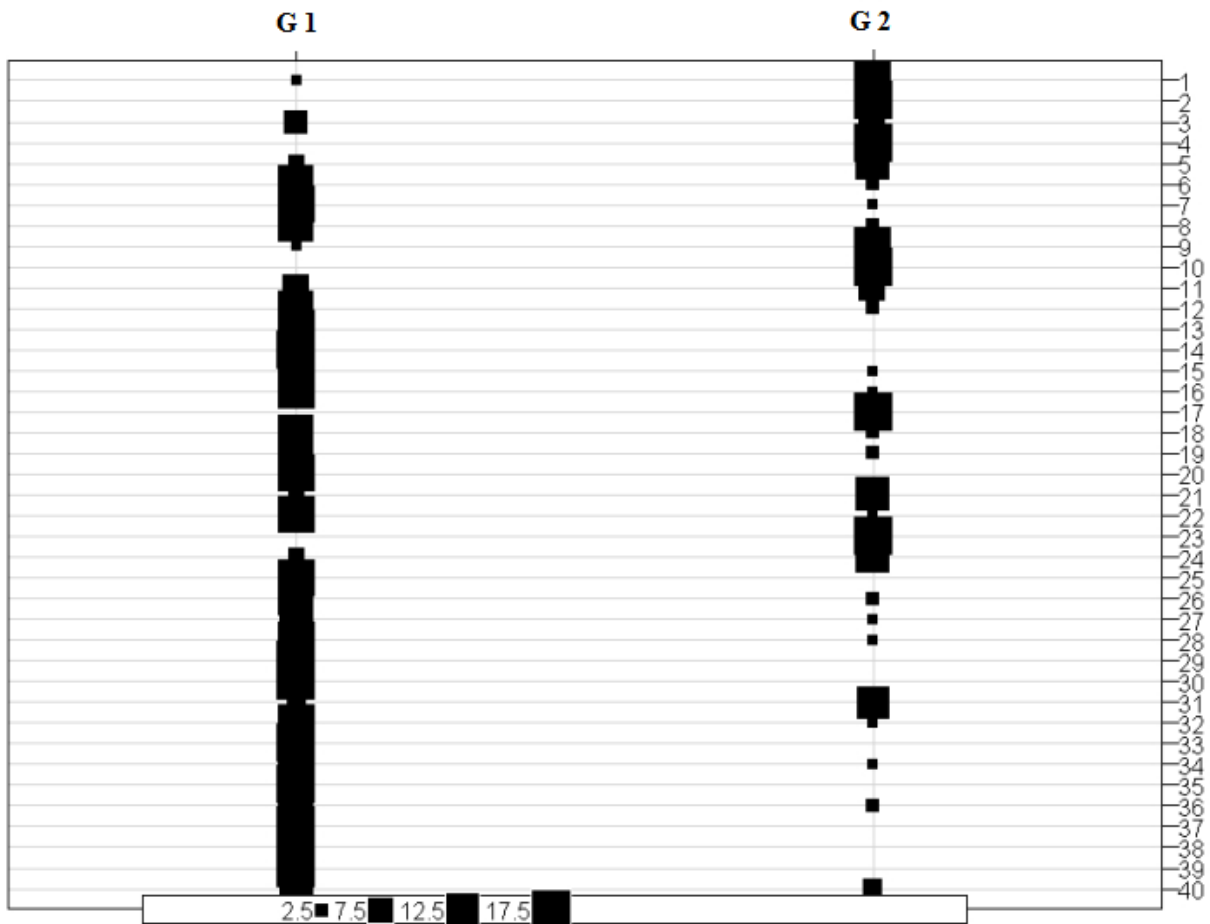


Figura R19. **Asignación de individuos a las poblaciones inferidas mediante ADCP.** G= poblaciones inferidas mediante el ADCP para $K=2$ poblaciones genéticas. El tamaño de los cubos negros es proporcional al número de individuos asignados a la población inferida (G).

Nombre racial y número de entrada:

1-Avatí Morotí (AM_1, 09020), 2-Avatí Morotí (AM_2, 08025), 3-Calchaquí (C_1, 08068), 4-Calchaquí (C_2, 08116), 5-Perla (P_1, 10082), 6-Perla (P_2, 09298), 7-Perlita (Pe_1, 09265), 8-Perlita (Pe_2, 09220), 9-Dentado Blanco (DB_1, 10083), 10-Dentado Blanco (DB_2, 09404), 11-Amarillo de 8 Hileras (A8H_1, 09178), 12-Amarillo de 8 Hileras (A8H_2, 09213), 13-Capia Blanco (CaB_1, 09283), 14-Capia Blanco (CaB_2, 09291), 15-Capia Amarillo (CaA_2, 09378), 16-Capia Amarillo (CaA_1, 09377), 17-Dentado Amarillo (DA_1, 09402), 18-Dentado Amarillo (DA_2, 09381), 19-Capia Variegado (CaV_1, 09264), 20-Capia Variegado (CaV_2, 09212), 21-Cristalino Amarillo (CrA_1, 10084), 22-Cristalino Amarillo (CrA_2, 09380), 23-Blanco de 8 Hileras (B8H_2, 09183), 24-Blanco de 8 Hileras (B8H_1, 09179), 25-Morochito (M_1, 09210), 26-Morochito (M_2, 09257), 27-Capia Garrapata (CaG_1, 09206), 28-Capia Garrapata (CaG_2, 09361), 29-Capia Rosado (CaR_1, 09228), 30-Capia Rosado (CaR_2, 09239), 31-Pisingallo (Pi_1, 09277), 32-Pisingallo (Pi_2, 09369), 33-Cuzco (Cuz_1, 09209), 34-Cuzco (Cuz_2, 09366), 35-Culli (Cu_1, 09307), 36-Culli (Cu_2, 09197), 37-Chulpi (Ch_1, 09207), 38: Chulpi (Ch_2, 09249), 39: Bolita (B_1, NA1), 40 Bolita (B_2, NA2).

Los grupos formados mediante el uso de ADPC quedaron formados por 11 (G= 2) y 28 (G= 1) entradas respectivamente, quedando la población Amarillo de 8 Hileras 1 (A8H_1, ARZM09178) sin poder ser asignada a ninguno de los dos grupos debido a que el conjunto de individuos que componen la muestra fue equivalentemente separado entre los dos grupos. Como criterio de asignación de los individuos a los grupos generados por el ADPC se estableció que al menos el 60% de los individuos de las entradas originales estuvieran incluidos en los mismos.

Al considerar tres grupos genéticos (K= 3), se obtuvo una división del conjunto que incluía 28 poblaciones para K= 2, formándose dos grupos integrados por 10 y 16 entradas, respectivamente (Figura R20, grupos G1 y G3).

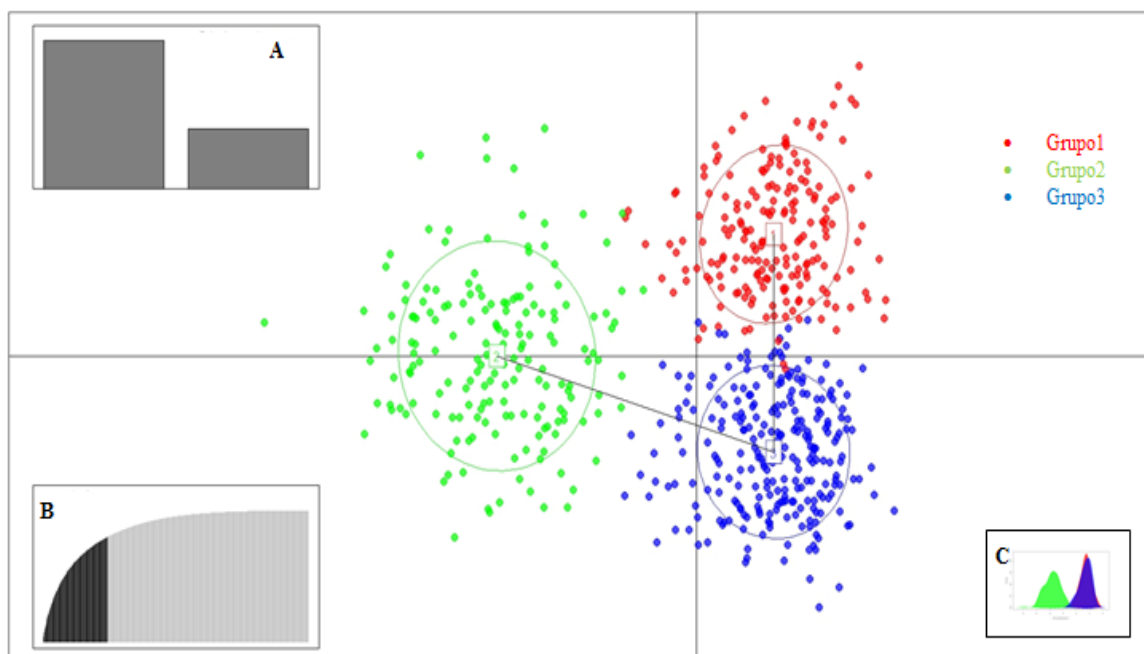


Figura R20. Estudio de Estructura Poblacional mediante Análisis Discriminante de Componentes Principales (ADCP). Gráficos obtenidos en función de los dos primeros componentes principales. La línea negra que une los grupos representa un árbol de mínima distancia entre grupos. Las elipses representan y son proporcionales a la varianza de los grupos. A= autovalores discriminantes más importantes. B= nivel de varianza total utilizada. C= nivel de diferenciación en la primera función discriminante.

Los individuos correspondientes a las dos entradas faltantes, Dentado Amarillo (DA_2, ARZM09381) y Pisingallo (Pi_1, ARZM09277), quedaron dispersos entre los distintos grupos, impidiendo la asignación de la entrada a alguno de ellos (Figura R21).

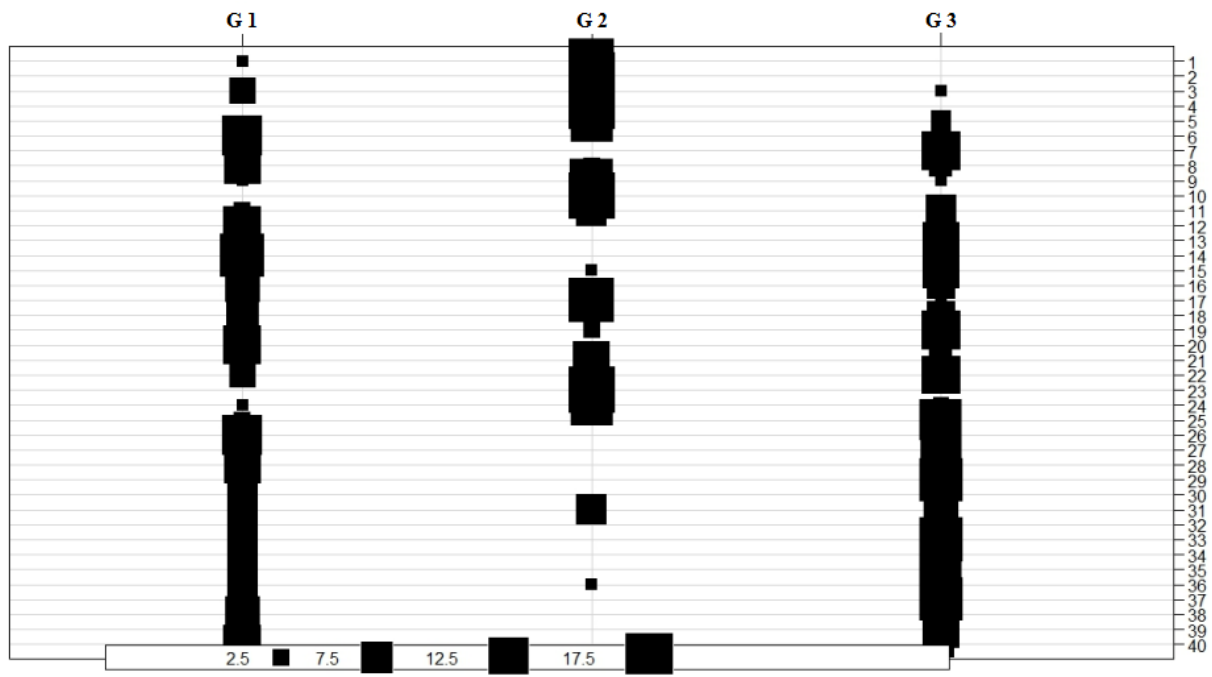


Figura R21 Asignación de individuos a las poblaciones inferidas mediante ADCP. G= poblaciones inferidas mediante el ADCP para K= 3 poblaciones genéticas. El tamaño de los cubos negros es proporcional al número de individuos asignados a la población inferida (G).

Nombre racial y número de entrada:

1-Avatí Morotí (AM_1, 09020), 2-Avatí Morotí (AM_2, 08025), 3-Calchaquí (C_1, 08068), 4-Calchaquí (C_2, 08116), 5-Perla (P_1, 10082), 6-Perla (P_2, 09298), 7-Perlita (Pe_1, 09265), 8-Perlita (Pe_2,09220), 9-Dentado Blanco (DB_1, 10083), 10-Dentado Blanco (DB_2, 09404), 11-Amarillo de 8 Hileras (A8H_1, 09178), 12-Amarillo de 8 Hileras (A8H_2, 09213), 13-Capia Blanco(CaB_1, 09283), 14-Capia Blanco (CaB_2, 09291), 15-Capia Amarillo (CaA_2, 09378), 16-Capia Amarillo (CaA_1, 09377), 17-Dentado Amarillo (DA_1, 09402), 18-Dentado Amarillo (DA_2, 09381), 19-Capia Variegado (CaV_1, 09264), 20-Capia Variegado (CaV_2, 09212), 21-Cristalino Amarillo (CrA_1, 10084), 22-Cristalino Amarillo (CrA_2, 09380), 23-Blanco de 8 Hileras (B8H_2, 09183), 24-Blanco de 8 Hileras (B8H_1, 09179), 25-Morochito (M_1, 09210), 26-Morochito (M_2, 09257), 27-Capia Garrapata (CaG_1, 09206), 28-Capia Garrapata (CaG_2, 09361), 29-Capia Rosado (CaR_1, 09228), 30-Capia Rosado (CaR_2, 09239), 31-Pisingallo (Pi_1, 09277), 32-Pisingallo (Pi_2, 09369), 33-Cuzco (Cuz_1, 09209), 34-Cuzco (Cuz_2, 09366), 35-Culli (Cu_1, 09307), 36-Culli (Cu_2, 09197), 37-Chulpi (Ch_1, 09207), 38: Chulpi (Ch_2, 09249), 39: Bolita (B_1, NA1), 40 Bolita (B_2, NA2).

Por su parte, el conjunto integrado por 11 entradas para K= 3 quedó conformado de igual manera que en el caso de K= 2 (Figura R21, grupo G2).

Para K= 4, el grupo constituido por 11 entradas presente en K= 2 y K= 3 se dividió dando lugar a dos nuevos grupos. El primero conformado principalmente por Avatí Morotí 1 y 2 (AM_1-2, ARZM09020 y 08025) (Figura R22, grupo 1), y el segundo integrado por Calchaquí 2 (C_2, ARZM08116), Perla 1 (P_1, ARZM10082), Dentado Blanco 2 (DB_2, ARZM09404), Dentado Amarillo 1 (DA_1, ARZM09402) y Blanco de 8 Hileras 1 y 2 (B8H_1-2, ARZM09183-09179) (Figura R22, grupo 3). Los individuos correspondientes a la población Dentado Blanco 1 (DB_1, ARZM10083) se dividieron entre los dos grupos de forma casi equitativa. Por último, las poblaciones originales Calchaquí (C_1, ARZM08068) y

Cristalino Amarillo (CrA_1, ARZM10084), se repartieron de forma casi equivalente entre los cuatro grupos genéticos (Figura R23).

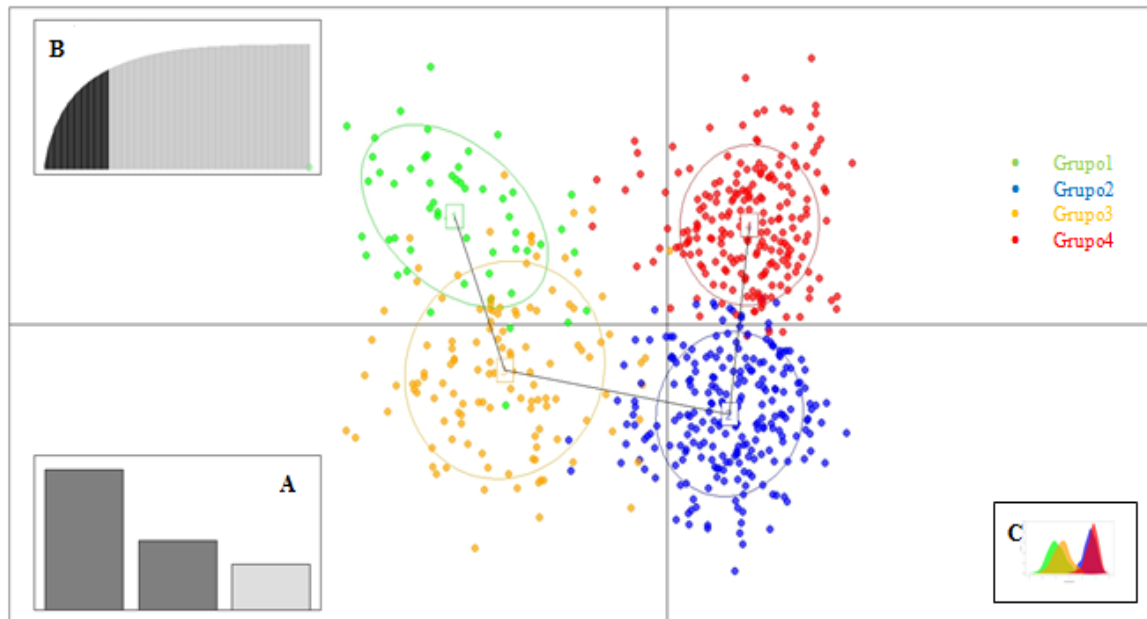


Figura R22. **Estudio de Estructura Poblacional mediante Análisis Discriminante de Componentes Principales (ADCP).** Gráficos obtenidos en función a los dos primeros componentes principales. La línea negra que une los grupos representa un árbol de mínima distancia entre grupos. Las elipses representan y son proporcionales a la varianza de los grupos. A= autovalores discriminantes más importantes. B= nivel de varianza total utilizada. C= nivel de diferenciación en la primera función discriminante.

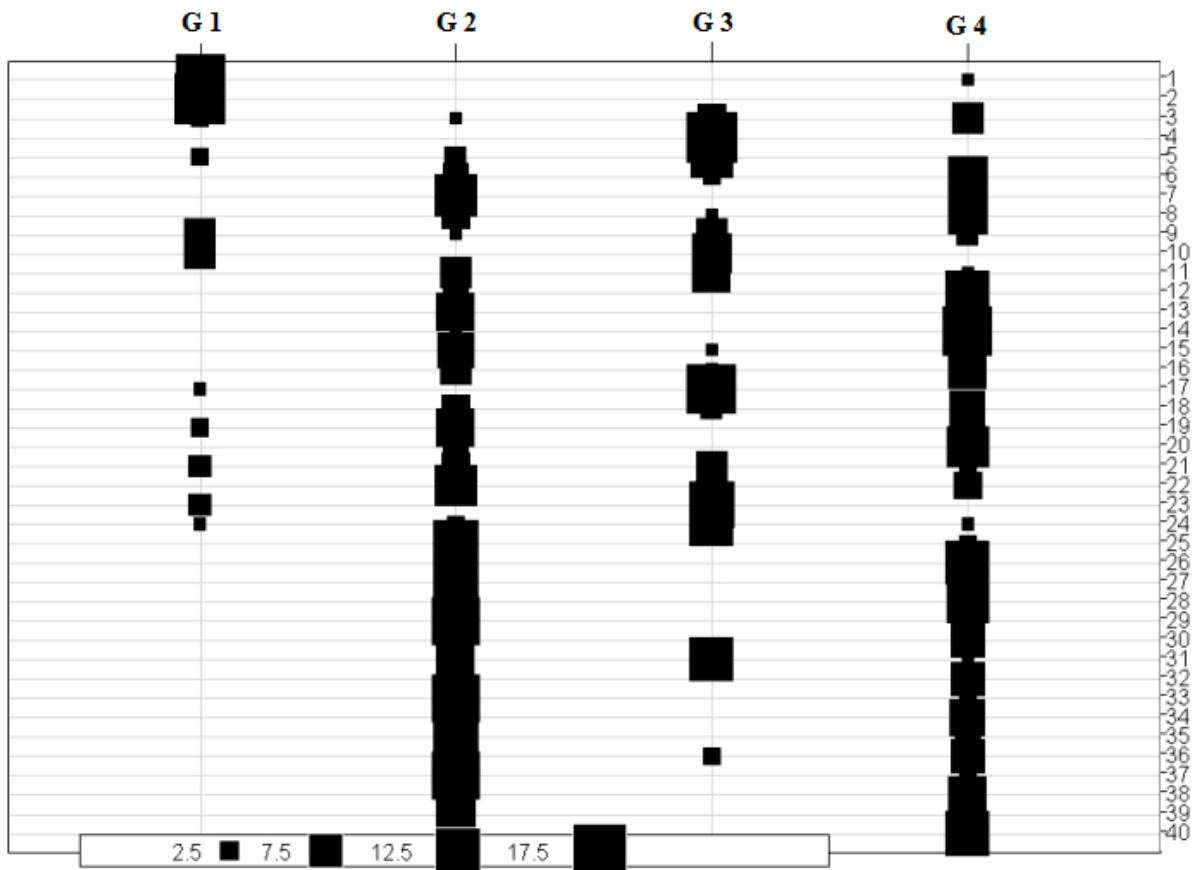


Figura R23 **Asignación de individuos a las poblaciones inferidas mediante ADCP.** G= poblaciones inferidas mediante el ADCP para K= 4 poblaciones genéticas. El tamaño de los cubos negros es proporcional al número de individuos asignados a la población inferida (G).

Nombre racial y número de entrada:

1-Avatí Morotí (AM_1, 09020), 2-Avatí Morotí (AM_2, 08025), 3-Calchaquí (C_1, 08068), 4-Calchaquí (C_2, 08116), 5-Perla (P_1, 10082), 6-Perla (P_2, 09298), 7-Perlita (Pe_1, 09265), 8-Perlita (Pe_2,09220), 9-Dentado Blanco (DB_1, 10083), 10-Dentado Blanco (DB_2, 09404), 11-Amarillo de 8 Hileras (A8H_1, 09178), 12-Amarillo de 8 Hileras (A8H_2, 09213), 13-Capia Blanco(CaB_1, 09283), 14-Capia Blanco (CaB_2, 09291), 15-Capia Amarillo (CaA_2, 09378), 16-Capia Amarillo (CaA_1, 09377), 17-Dentado Amarillo (DA_1, 09402), 18-Dentado Amarillo (DA_2, 09381), 19-Capia Variegado (CaV_1, 09264), 20-Capia Variegado (CaV_2, 09212), 21-Cristalino Amarillo (CrA_1, 10084), 22-Cristalino Amarillo (CrA_2, 09380), 23-Blanco de 8 Hileras (B8H_2, 09183), 24-Blanco de 8 Hileras (B8H_1, 09179), 25-Morochito (M_1, 09210), 26-Morochito (M_2, 09257), 27-Capia Garrapata (CaG_1, 09206), 28-Capia Garrapata (CaG_2, 09361), 29-Capia Rosado (CaR_1, 09228), 30-Capia Rosado (CaR_2, 09239), 31-Pisingallo (Pi_1, 09277), 32-Pisingallo (Pi_2, 09369), 33-Cuzco (Cuz_1, 09209), 34-Cuzco (Cuz_2, 09366), 35-Culli (Cu_1, 09307), 36-Culli (Cu_2, 09197), 37-Chulpi (Ch_1, 09207), 38: Chulpi (Ch_2, 09249), 39: Bolita (B_1, NA1), 40 Bolita (B_2, NA2).

Los restantes dos grupos permanecieron casi sin cambio.

Por último, para K= 5 poblaciones genéticas (Figura R24) se obtuvo por una nueva división de los individuos de los grupos mayoritarios, quedando como entradas bien definidas dentro del grupo 1 Morochito 1 (M_1, ARZM09210), en el grupo 2 Capia Blanco 1 (CaB_1, ARZM09283), Capia Amarillo 1 (CaA_1, ARZM09377), Capia Garrapata 1 y 2 (CaG_1-2, ARZM09206-0936), Cuzco 1 y 2 (Cuz_1-2, ARZM09209-09366) y Bolita NA2 (B_2). En

grupo 3 Avatí Morotí 1 y 2 (AM_1-2, ARZM09020-08025), dentro del grupo 4 Perlita 1 (Pe_1, ARZM 09265), Morochito 2 (M_2, ARZM09257), Capia Blanco 2 (CaB_2, ARZM09291), Pisingallo 1 (Pi_1, ARZM09277) y Chulpi 2 (Ch_2, ARZM09249). Finalmente, en el grupo 5 Calchaqui 2 (C_2, ARZM08116), Blanco de 8 Hileras 1 y 2 (B8H_1-2, ARZM09179-09183) (Figura R25).

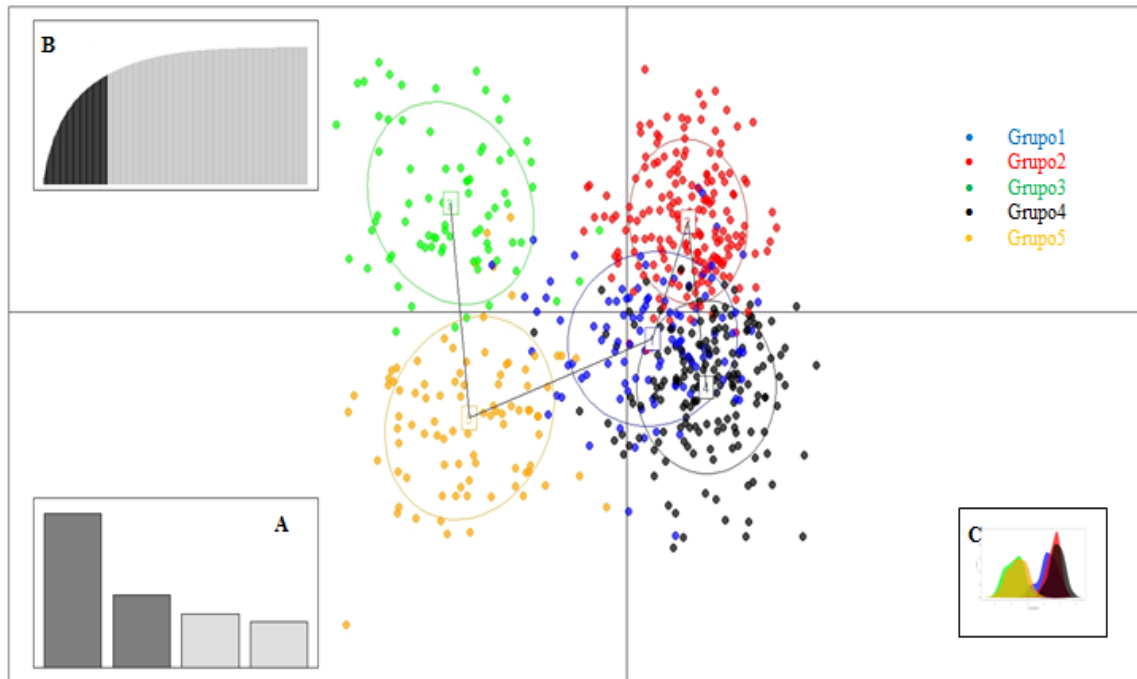


Figura R24. **Estudio de Estructura Poblacional mediante Análisis Discriminante de Componentes Principales (ADCP)**. Gráficos obtenidos en función a los dos primeros componentes principales. La línea negra que une los grupos representa un árbol de mínima distancia entre grupos. Las elipses representan y son proporcionales a la varianza de los grupos. A= autovalores discriminantes más importantes. B= nivel de varianza total utilizada. C= nivel de diferenciación en la primera función discriminante.

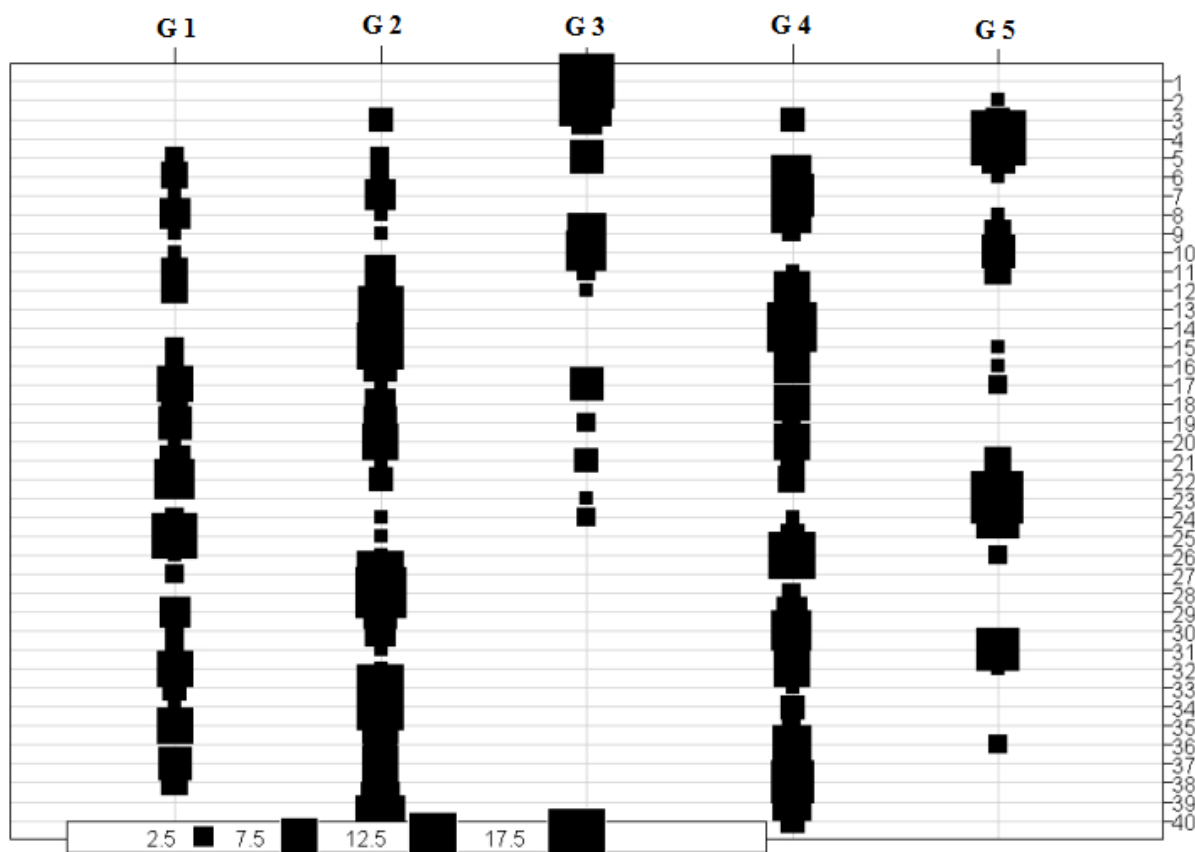


Figura R25. Asignación de individuos a las poblaciones inferidas mediante ADCP. G= poblaciones inferidas mediante el ADCP para K= 5 poblaciones géticas. El tamaño de los cubos negros es proporcional al número de individuos asignados a la población inferida (G).

Nombre racial y número de entrada:

1-Avatí Morotí (AM_1, 09020), 2-Avatí Morotí (AM_2, 08025), 3-Calchaquí (C_1, 08068), 4-Calchaquí (C_2, 08116), 5-Perla (P_1, 10082), 6-Perla (P_2, 09298), 7-Perlita (Pe_1, 09265), 8-Perlita (Pe_2,09220), 9-Dentado Blanco (DB_1, 10083), 10-Dentado Blanco (DB_2, 09404), 11-Amarillo de 8 Hileras (A8H_1, 09178), 12-Amarillo de 8 Hileras (A8H_2, 09213), 13-Capia Blanco(CaB_1, 09283), 14-Capia Blanco (CaB_2, 09291), 15-Capia Amarillo (CaA_2, 09378), 16-Capia Amarillo (CaA_1, 09377), 17-Dentado Amarillo (DA_1, 09402), 18-Dentado Amarillo (DA_2, 09381), 19-Capia Variegado (CaV_1, 09264), 20-Capia Variegado (CaV_2, 09212), 21-Cristalino Amarillo (CrA_1, 10084), 22-Cristalino Amarillo (CrA_2, 09380), 23-Blanco de 8 Hileras (B8H_2, 09183), 24-Blanco de 8 Hileras (B8H_1, 09179), 25-Morochito (M_1, 09210), 26-Morochito (M_2, 09257), 27-Capia Garrapata (CaG_1, 09206), 28-Capia Garrapata (CaG_2, 09361), 29-Capia Rosado (CaR_1, 09228), 30-Capia Rosado (CaR_2, 09239), 31-Pisingallo (Pi_1, 09277), 32-Pisingallo (Pi_2, 09369), 33-Cuzco (Cuz_1, 09209), 34-Cuzco (Cuz_2, 09366), 35-Culli (Cu_1, 09307), 36-Culli (Cu_2, 09197), 37-Chulpi (Ch_1, 09207), 38: Chulpi (Ch_2, 09249), 39: Bolita (B_1, NA1), 40 Bolita (B_2, NA2).

Al observar las curvas de densidad de las funciones discriminantes a lo largo de los distintos números de grupo, se aprecia que, si bien no se corresponde con el menor BIC, el mayor grado de discriminación se obtiene para K= 2, mientras que para los sucesivos valores de K, las funciones muestran un alto grado de superposición (Figuras R23 y R25). De este modo, del análisis conjunto de los resultados obtenidos a partir del ADPC y del método bayesiano surge un punto importante a remarcar: la existencia de dos grupos que emergen consistentemente en asociación con los estratos altitudinales.

R.3.6. Análisis Molecular de la Varianza (AMOVA) y diversidad genética en los grupos resultantes del estudio de estructura poblacional

Dada la existencia de dos grupos principales asociados a dos diferentes estratos altitudinales, se decidió profundizar en el conocimiento de los niveles de diversidad y de diferenciación genética entre y dentro de las entradas que integran dichos grupos, mediante un análisis de varianza molecular. Para este análisis, dado que los grupos formados mediante la utilización de *Structure* o ACP fueron altamente similares, para el AMOVA se tomaron las entradas agrupadas según *Structure*. Las características de los niveles de altura se presentan en la Tabla R13.

Tabla R13. Características de los dos niveles de altura asociados a K= 2. Intervalo= rango de altura y valor medio (msnm) en la cual se encuentran los sitios de muestreo de las poblaciones analizadas.

Nivel	Intervalo	Altura media
Bajo	1120-1990	1693
Alto	2000-3498	2669

El análisis de varianza molecular mostró que la diferenciación entre las entradas ubicadas en los dos niveles de altura representa el 5% de la variabilidad total ($p < 0,01$) (Tabla R14, Figura R26). Los componentes de varianza pueden verse en Apéndice (Apéndice, Tabla A8).

Tabla R14. Análisis de Varianza Molecular. Componentes de varianza en base a los índices F_{ST} para el estudio de diferenciación molecular para las dos niveles de altura asociados a $K=2$ poblaciones genéticas. Abreviaturas: GL= grados de libertad, SC= suma de cuadrados, CM= cuadrados medios, E.V.= estimación de varianza, %= porcentaje de varianza explicada.

Fuente de Variabilidad	GL	SC	CM	E.V.	%	p-valor
Entre Niveles	1	373,12	373,12	1,249	5	<0,01
Entre Poblaciones	38	2222,73	58,49	2,453	10	<0,01
Dentro Poblaciones	589	11734,15	19,92	19,92	85	<0,01
Total	628	14330,01		23,62	100	

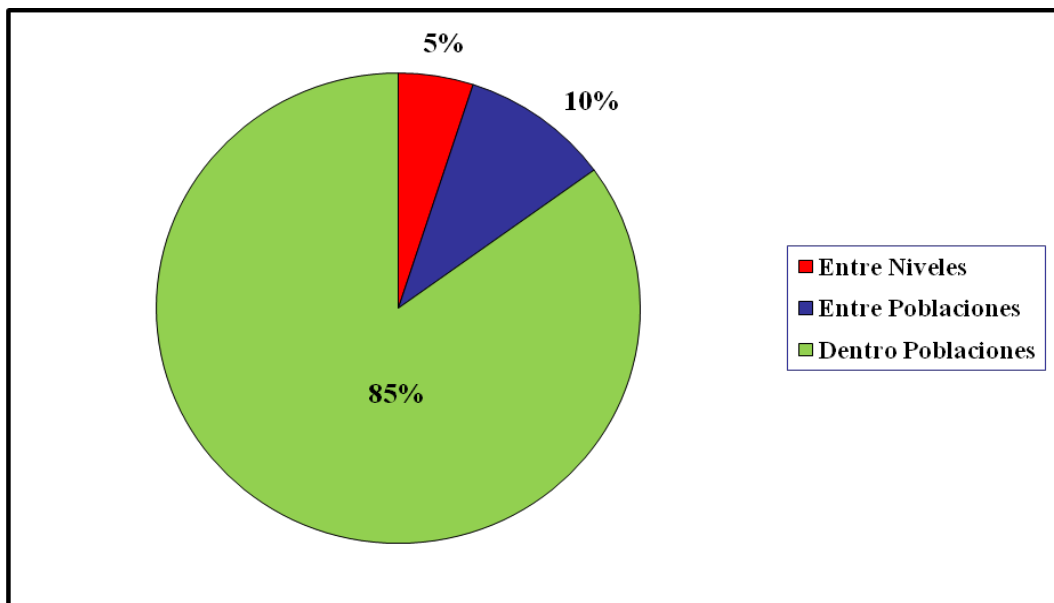


Figura R26. Análisis de Varianza Molecular. Gráfico de diferenciación entre los dos grupos de entradas presentes en los dos niveles de altura obtenidos a partir del análisis de estructura poblacional.

Asimismo, los grupos mostraron diferencias significativas en sus índices de diversidad, evidenciando una disminución de la misma con el aumento de la altura (Tabla R15), resultados congruentes con los obtenidos para el análisis de diversidad genética presentado en la Figura R11. Por su parte, la diferenciación genética entre poblaciones dentro de los grupos no resultó significativamente distinta. (Bajo $F_{ST\text{medio}}= 0,069$, Alto $F_{ST\text{medio}}= 0,085$, $p > 0,05$).

Tabla R15. Diversidad Genética en los grupos resultantes del análisis de estructura poblacional. Diferencias encontradas entre los grupos de maíz de los Valles del NOA definidos por su agrupamiento por altura. Letras diferentes indican diferencia significativa ($p < 0,01$, 10000 permutaciones)

Nivel	Altura media	Rs	He
Bajo	1693	5,81 a	0,77 a
Alto	2669	5,36 b	0,73 b

R.4. Análisis de Agrupamiento

La distancia génica de Nei (1972) fue utilizada como medida del nivel de similitud entre poblaciones y como base para la construcción de un retículo de *Neighbor-Joining* (NJ). A pesar, de que las ramas principales del retículo presentaron bajos valores de apoyo, pudieron distinguirse tres grupos principales: G1, G2 y G3 (Figura R27).

El conjunto G1 agrupó a los maíces de la zona baja del gradiente de altura, mientras que los maíces de la zona alta del gradiente se ubicaron en los grupos G2 y G3. El grupo G1 presentó una distancia media euclídea entre poblaciones de $0,32 \pm 0,1$, mientras que la distancia media en G2 fue de $0,25 \pm 0,07$ y para el grupo G3 fue de $0,17 \pm 0,08$. Estos resultados indican que el grupo G1 presentó un mayor grado de heterogeneidad entre las entradas que lo componen (Tabla R16a), al tiempo que, por el contrario, el grupo G3 presenta una menor heterogeneidad interna (Tabla R16c) evidenciando una mayor afinidad entre sus integrantes, dejando al grupo G2 en una zona intermedia (Tabla 16b).

Desde el punto de vista de la similitud de las entradas identificadas inicialmente como pertenecientes a la misma raza, el NJ mostró que solo cinco pares de entradas conformaron grupos en los niveles más bajos de distancia. Estas fueron Avatí Morotí 1 y 2 (AM_1-2, ARZM09020-08025), Blanco de 8 Hileras 1 y 2 (B8H_1-2, ARZM09179-09183), Perlita 1 y 2 (Pe_1-2, ARZM09265-09220), Capia Garrapata 1 y 2 (CaG_1-2, ARZM09206-09361) y Pisingallo 1 y 2 (Pi_1-2, ARZM09277-09369).

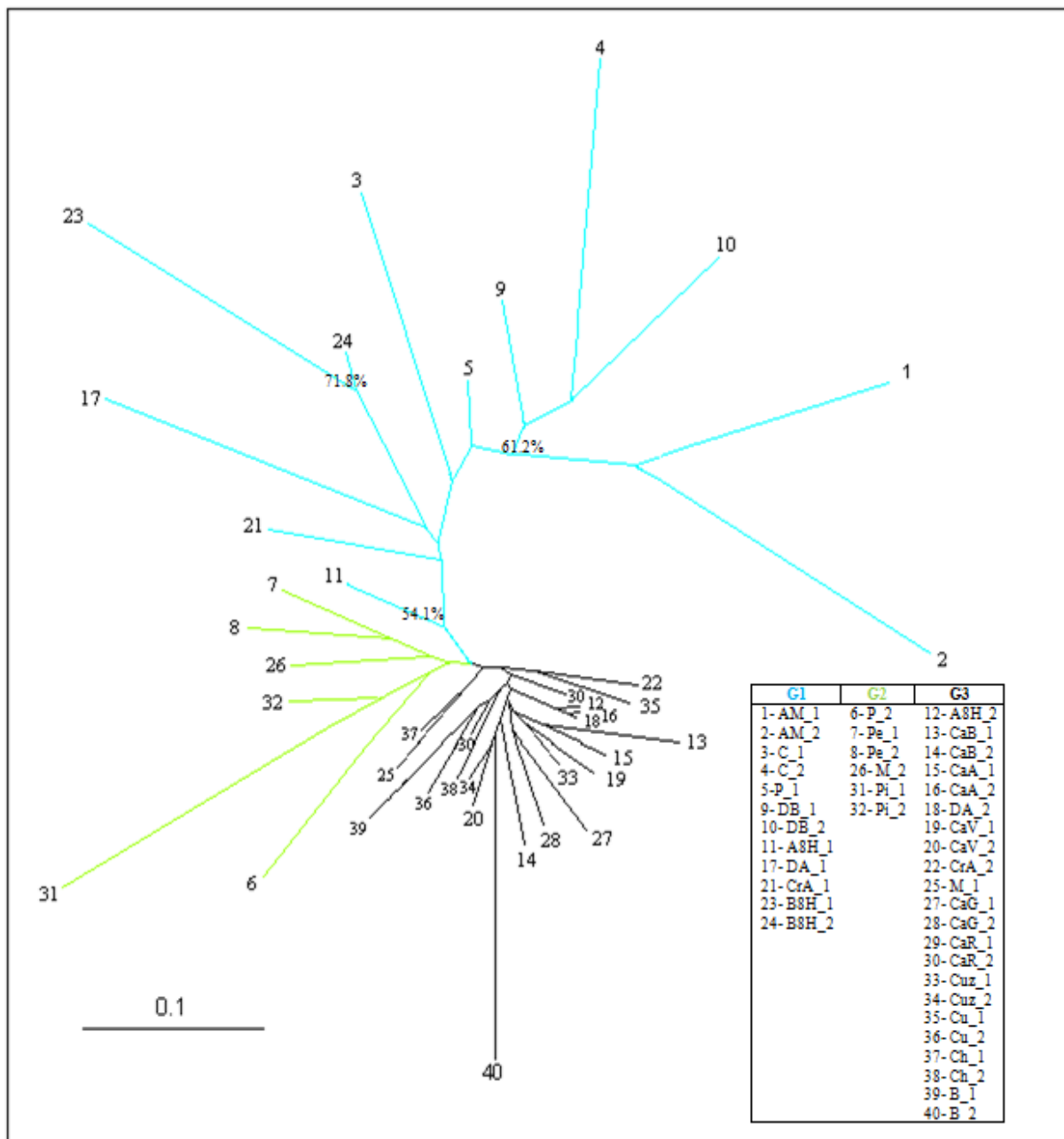


Figura R27. **Árbol de Neighbor-Joining.** Configuración obtenida en base a la distancia genética de Nei (1972) entre pares de poblaciones. Los valores de soporte sobre las ramas se obtuvieron a partir de *bootstrap*, (1000 pseudorréplicas), sólo se muestran los valores superiores a 50%. Las ramas fueron coloreadas para facilitar la observación de los grupos.

Al comparar la composición poblacional de los grupos con la obtenida mediante los análisis de estructura bayesianos para $K=2$, puede observarse que G1 se corresponde con el grupo de 12 poblaciones, mientras que el grupo de 28 estaría representado por la fusión de G2 y G3. En relación con los grupos hallados por el ADPC, para $K=2$, la única diferencia radicó en la incorporación dentro del grupo G1 de la población Amarillo de 8 Hileras 1 (A8H_1, ARZM09178). Asimismo, G1 también coincidió con uno de los grupos halladas en el ADCP

para $K=3$, aunque en dicho caso la conformación de los grupos G2 y G3 resultó distinta a las obtenidas mediante ADCP.

Tabla R16a. Distancia de Nei (1972) entre las poblaciones de los grupos G1. Estimación de variabilidad dentro del grupo, la distancia media entre las entradas del grupo fue de 0,32+/-0,1. Los números entre paréntesis indican el código de identificación de las entradas analizadas.

	AM_1 (09020)	AM_2 (08025)	C_1 (08068)	C_2 (08116)	P_1 (10082)	DB_1 (10083)	DB_2 (09404)	A8H_1 (09178)	DA_1 (09402)	CrA_1 (10084)	B8H_1 (09183)	B8H_2 (09179)
AM_1	0											
AM_2	0,334	0										
C_1	0,428	0,406	0									
C_2	0,574	0,474	0,397	0								
P_1	0,321	0,268	0,225	0,217	0							
DB_1	0,310	0,307	0,270	0,292	0,172	0						
DB_2	0,369	0,333	0,364	0,291	0,188	0,193	0					
A8H_1	0,331	0,456	0,248	0,355	0,174	0,259	0,251	0				
DA_1	0,481	0,494	0,390	0,475	0,315	0,375	0,268	0,249	0			
CrA_1	0,404	0,440	0,344	0,268	0,145	0,182	0,238	0,210	0,281	0		
B8H_1	0,527	0,531	0,454	0,433	0,349	0,349	0,339	0,299	0,452	0,333	0	
B8H_2	0,298	0,340	0,325	0,323	0,175	0,215	0,239	0,181	0,239	0,223	0,164	0

Tabla R16b. Distancia de Nei (1972) entre las poblaciones de los grupos G2. Estimación de la variabilidad dentro del grupo, la distancia media entre las entradas del grupo fue de 0,25+/-0,07. Los números entre paréntesis indican el código de identificación de las entradas analizadas.

	P_2 (09298)	Pe_1 (09220)	Pe_2 (09265)	M_2 (09257)	Pi_1 (09277)
P_2	0				
Pe_1	0,258	0			
Pe_2	0,261	0,139	0		
M_2	0,290	0,164	0,170	0	
Pi_1	0,338	0,299	0,308	0,257	0

Tabla R16c. Distancia de Nei entre las poblaciones del grupo G3. Estimación de la variabilidad dentro del grupo, la distancia media entre las entradas del grupo fue de 0,17+/-0,08. La numeración entre corchetes indica la identificación de las entradas analizadas.

	A8H_1 (09178)	CaB_1 (09283)	CaB_2 (09291)	CaA_1 (09377)	CaA_2 (09378)	DA_1 (09402)	CaV_1 (09264)	CaV_2 (09212)	CrA_2 (09380)	M_1 (09210)	CaG_1 (09206)	CaG_2 (09239)	CaR_1 (09228)	CaR_2 (09239)	Cuz_1 (09402)	Cuz_2 (09366)	Cu_1 (09307)	Cu_2 (09197)	Ch_1 (09207)	Ch_2 (09249)	B_1 (NA)	B_2 (NA)	
A8H_1	0																						
CaB_1	0,242	0																					
CaB_2	0,153	0,145	0																				
CaA_1	0,152	0,115	0,172	0																			
CaA_2	0,123	0,158	0,094	0,122	0																		
DA_1	0,249	0,382	0,385	0,286	0,362	0																	
CaV_1	0,165	0,181	0,169	0,09	0,116	0,274	0																
CaV_2	0,179	0,216	0,108	0,134	0,098	0,438	0,124	0															
CrA_2	0,167	0,213	0,210	0,177	0,137	0,379	0,199	0,157	0														
M_1	0,167	0,229	0,159	0,184	0,118	0,314	0,134	0,152	0,116	0													
CaG_1	0,158	0,168	0,164	0,197	0,126	0,354	0,132	0,173	0,174	0,182	0												
CaG_2	0,199	0,190	0,160	0,119	0,120	0,373	0,115	0,140	0,173	0,192	0,120	0											
CaR_1	0,124	0,145	0,113	0,140	0,071	0,365	0,115	0,124	0,121	0,101	0,112	0,126	0										
CaR_2	0,164	0,152	0,113	0,115	0,070	0,381	0,094	0,064	0,123	0,117	0,138	0,114	0,086	0									
Cuz_1	0,187	0,124	0,125	0,095	0,098	0,342	0,077	0,083	0,180	0,137	0,121	0,111	0,089	0,094	0								
Cuz_2	0,164	0,157	0,104	0,086	0,092	0,317	0,097	0,055	0,141	0,171	0,129	0,099	0,121	0,082	0,062	0							
Cu_1	0,173	0,209	0,199	0,149	0,143	0,305	0,122	0,175	0,114	0,147	0,121	0,155	0,122	0,144	0,141	0,143	0						
Cu_2	0,215	0,170	0,201	0,155	0,140	0,390	0,147	0,114	0,119	0,169	0,175	0,139	0,113	0,074	0,118	0,090	0,159	0					
Ch_1	0,149	0,229	0,146	0,175	0,122	0,277	0,112	0,066	0,136	0,096	0,113	0,200	0,087	0,080	0,118	0,121	0,117	0,128	0				
Ch_2	0,176	0,147	0,154	0,113	0,101	0,383	0,115	0,112	0,144	0,141	0,191	0,126	0,085	0,073	0,126	0,120	0,155	0,119	0,115	0			
B_1	0,246	0,175	0,163	0,208	0,143	0,510	0,227	0,176	0,162	0,206	0,240	0,180	0,135	0,115	0,197	0,158	0,186	0,136	0,200	0,159	0		
B_2	0,305	0,273	0,248	0,256	0,219	0,537	0,312	0,201	0,313	0,332	0,245	0,237	0,266	0,211	0,271	0,201	0,286	0,241	0,251	0,247	0,254	0	

R.5. Análisis Conjunto de caracteres morfológicos y moleculares

Los agrupamientos obtenidos para los materiales estudiados hasta aquí se generaron mediante la utilización de distintas metodologías, aplicadas cada una de ellas de forma independiente. Para tratar de lograr una mirada más completa de las diferencias entre las entradas de maíz analizadas en este trabajo, se utilizaron todos los datos de obtenidos en este estudio para consensuar la información en una única salida y generar agrupamientos más robustos. Para esto se realizó un Análisis de Procrustes Generalizados (APG), el cual se basó en la información obtenida a partir de los 13 caracteres cualitativos, 19 cuantitativos y 22 *loci SSR*. Posteriormente, con dicha información se calculó la distancia euclídea entre las poblaciones, la cual se utilizó luego para llevar a cabo un análisis de conglomerados con criterio UPGMA (Figura R28). El análisis pudo llevarse adelante sobre 30 de las 40 entradas de maíz debido a la falta de datos morfológicos.

Como resultado, se obtuvo la formación de dos grupos formados a bajos niveles de similitud, A y B. El grupo A mostró notable concordancia con aquellos formados en los análisis de caracteres cuantitativos (grupo C1-Figuras R1 y R2) y de consenso de caracteres agronómicos (grupo 1- Figura R6). Siendo además, todos ellos integrantes del grupo G2 obtenido mediante distancia genética de Nei y pertenecientes a los maíces “del alto” del gradiente de altura (compuesto por poblaciones mayores a los 2400 msnm). Estos resultados sugieren que las entradas referidas a las razas Perlita 1-2 (Pe_1-2, ARMZ09265-09220), Perla 2 (P_2, ARMZ09298), Morochito 2 (M_2, ARMZ09257) y Pisingallo 1 (Pi_1, ARMZ09277) presentan una importante afinidad, tanto molecular como morfológica.

El grupo B resultó más heterogéneo. Dentro del mismo, B1 y B2.1 están compuestos casi exclusivamente por maíces del bajo excepto por las poblaciones Chulpi 1 (Ch_1, ARZM09207) y Capia Blanco 2 (CaB_2, ARZM09291), respectivamente, mientras que B2.2 está conformado exclusivamente por maíces “del alto”. El grupo B2.3 comprende una mezcla de maíces “del bajo” y “del alto”.

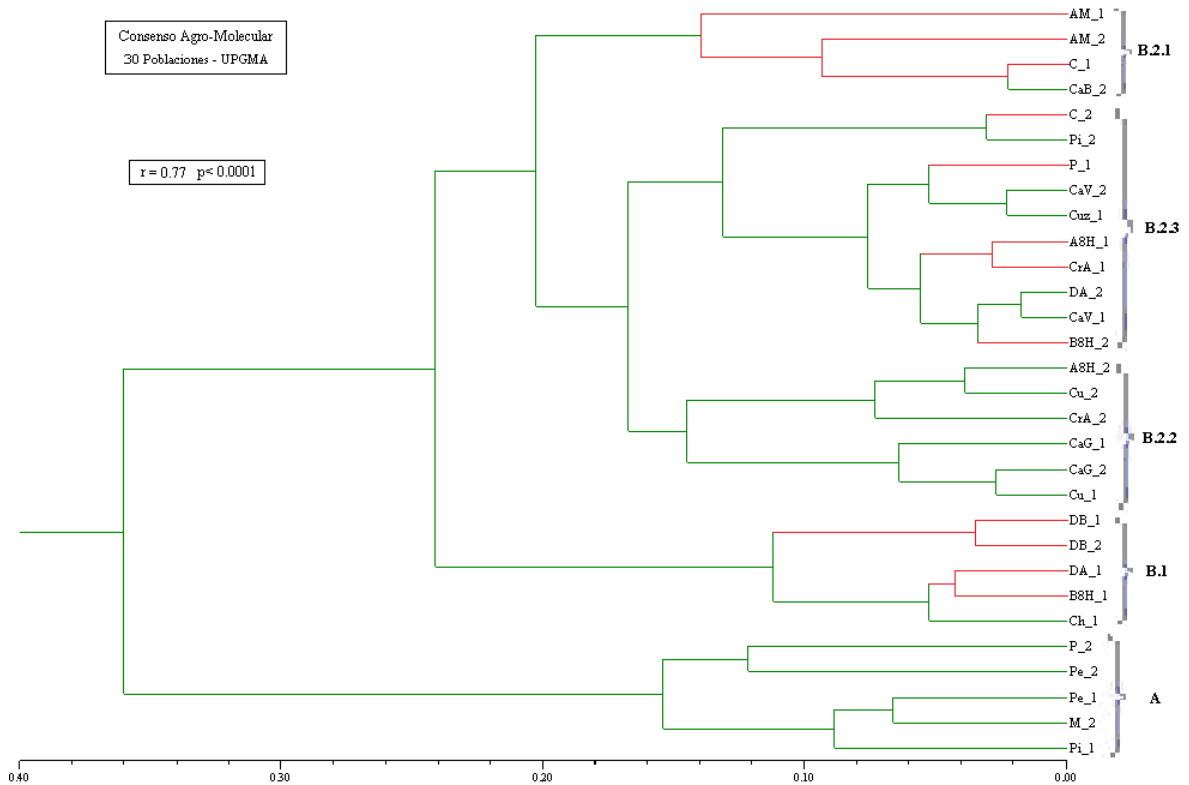


Figura R28. **Análisis Consenso entre caracteres morfológicos y moleculares.** Representación del análisis de agrupamiento de 30 entradas de maíz provenientes de los Valles del NOA. En color rojo se muestra las entradas pertenecientes a la zona baja del gradiente de altura, en verde las entradas pertenecientes a la zona alta del gradiente de altura. La distancia euclídea se calculó a partir de Análisis de Procrustes Generalizado.

La distancia euclídea media para los grupos se calculó como una medida de cohesión entre los integrantes de los diferentes grupos y una forma de medir la diferenciación entre grupos. Para todo el conjunto de poblaciones el valor fue de 0,23, mientras que para el grupo A fue de 0,13 y para el grupo B fue 0,18. Los subgrupos B mostraron mayor homogeneidad, siendo el grupo B.2.2 el que presentó mayor heterogeneidad (Tabla R17). La tabla de distancias entre las 30 entradas se encuentra en Apéndice (Apéndice, Tabla A9).

Tabla R17. Valores medios de distancia euclídea dentro de los grupos identificados mediante el análisis de APG.

Grupo	A	B	B1	B.2.1	B.2.2	B.2.3
\bar{D}	0,13	0,18	0,085	0,1	0,11	0,085

Nuevamente, al igual que en los grupos formados en el análisis consenso de caracteres agronómicos, la diferenciación entre integrantes de grupo fue generada, principalmente, por los caracteres asociados al grano.

En la Tabla R18, se muestran las medias correspondientes a los caracteres morfológicos cuantitativos para cada uno de los grupos. En particular de este análisis pudo verse que, las entradas que forman el grupo A presentan, en promedio, plantas de baja altura, de pocas hojas, panojas con muy pocas ramificaciones secundarias y el más bajo un número de granos, 352 granos por mazorca promedio (calculado como NHG x NGH).

Tabla R18. Valores medios de los caracteres cuantitativos relevantes en la descripción de la morfología de las plantas de maíz. M= media, DE= desvío estándar.

	ALTPL		ALTMZ		NH		NM		LPE		LR		NR2		NHG		DMZ		NGH	
	M	DE	M	DE	M	DE	M	DE	M	DE	M	DE	M	DE	M	DE	M	DE	M	DE
A	125,1	15,7	47,8	10,3	9,8	1	1,2	1	21,7	4,1	8,9	3,3	2,7	2,5	13,8	2	3,7	0,1	25,5	3,7
B.1	184,2	18,3	98,5	17,8	14,3	1,8	0,7	0,7	10,2	0,8	13,4	1,5	7,7	5,0	11,6	2,5	4,3	0,3	31,5	4,2
B.2.1	173,6	6,8	88,7	4,0	13	1,0	0,5	0,2	20,5	2,4	14,5	0,6	7,7	1,2	12,5	0,9	4	0,1	33,9	2,8
B.2.2	172	8,2	89,7	9,3	12,6	0,9	0,8	0,5	19,1	2,8	14,9	2,3	8	2,8	11,6	1	4,2	0,2	30	1,5
B.2.3	162,2	16,8	81,5	10,3	14,0	4,2	0,9	0,8	18,6	2,7	14,5	2,4	6,9	1,3	12,3	2,4	3,9	0,3	29,7	4,8

Abreviaturas: **ALTPL:** Altura Planta, **ALTMZ:** Atura de la Mazorca más Alta, **NH:** Número de Hojas, **NM:** Número de Macollos, **LPE:** Longitud de Pedúnculo de Panoja, **LR:** Longitud de Ramificación Panoja, **NR2:** Número de Ramificaciones 2° en Panoja, **NHG:** Número de Hileras de Grano, **DMZ:** Diámetro Mazorca, **NGH:** Número de Granos por Hilera.

Para establecer el comportamiento de los caracteres morfológicos en función del gradiente de altitud se llevó adelante un análisis de correlación. Este análisis determinó que nueve de los 19 caracteres cuantitativos estuvieron correlacionados de forma moderada pero significativa con el gradiente altitudinal (Tabla R19).

Tabla R19. Estudio de correlación entre caracteres morfológicos y altitud. Caracteres asociados significativamente al gradiente de altura antes de la corrección de Bonferroni. a= (p<0,05), b= (p<0,01).

	ALTPL	ALTMZ	NHSMZ	NH	LPE	NHG	INER	NR1	NR3
ALTITUD	-0,41a	-0,44b	-0,38a	-0,69b	0,49b	-0,78b	-0,38a	-0,41a	0,34a

Abreviaturas: **ALTPL:** Altura Planta, **ALTMZ:** Atura de la Mazorca más Alta, **NHSMZ:** Número de hojas sobre la Mazorca más Alta, **NH:** Número de Hojas, **LPE:** Longitud de Pedúnculo de Panoja, **NHG:** Número de Hileras de Grano, **INER:** Índice de Nervación, **NR1:** Ramificaciones 1° en Panoja, **NR3:** Número de Ramificaciones 3° en Panoja,

Este resultado implicaría que a medida que la elevación del terreno va en aumento, las plantas disminuyen en su altura y presentan menos hojas con menos nervaciones. Además, los pedúnculos de las panojas son más largos y las panojas presentan menos ramificaciones primarias, pero más terciarias. En tanto que las mazorcas presentan una disminución en el número de hileras de granos.

Debido a que este tipo de análisis se basa en comparaciones múltiples, se ajustó el nivel de significación según el método propuesto por Bonferroni. Los resultados post-ajuste eliminaron la existencia de significación entre la altura y cualquier carácter morfológico.

Maíces de las Yungas

R.6. Variabilidad Molecular

Para estudiar la variabilidad molecular de los maíces pertenecientes a la provincia fitogeográfica de Yungas, se utilizaron 10 *loci SSR*, los cuales fueron seleccionados a partir de los 22 *loci* iniciales debido a su posición en el genoma, su nivel de diversidad genética (H_e), alto grado de amplificación y baja dificultad de interpretación. En base a estas premisas los *loci* elegidos fueron: bnlg 252, 1017, 1070, 1740, 149, 1108, 1287, 1866, 1018 y 1526.

Dado al bajo número de mazorcas utilizadas para la obtención de los granos en ésta sección los resultados no fueron interpretados en términos poblacionales sino como características del conjunto de entradas colectadas.

El análisis de la diversidad global (56 individuos) reveló una H_e promedio igual a 0,82, un H_o promedio de 0,63 y un total de 127 alelos con una media de 12,7 alelos por *locus*, El número de alelos exclusivos (A.E.) para la región en comparación con los maíces de los Valles fue de 11 (Tabla R20). Esto significa que 11 alelos detectados en Yungas no estuvieron presentes en los materiales de los Valles. El 60% de los marcadores ensayados presentaron A.E. asociados. Tres de los A.E. presentaron una frecuencia mayor al 5%, el resto correspondieron a la categoría de alelos poco frecuentes. Cabe destacar que dentro de ésta categoría dos alelos, uno de ellos generado por el marcador bnlg 1070 y otro por el marcador bnlg 149, solo se encontraron en la entrada NH168 (Perla) y en la NH2914 (8 Rayas), respectivamente, los valores de H_e , H_o y A.E. para los *loci* analizados se muestran en Tabla R20.

Tabla R20. Diversidad genética en los maíces de las Yungas. Valores asociados a los 10 SSR utilizados en el análisis de los materiales de proveniencias de la provincia fitogeográfica de Yungas. He= diversidad genética, Ho= diversidad genética observada, A.E.= alelos exclusivos, M= media. Todos los marcadores ensayados pertenecen a la serie bnlg.

	<i>Locus</i>										M
	252	1017	1070	1740	149	1108	1287	1866	1018	1526	
He	0,71	0,92	0,89	0,88	0,86	0,80	0,74	0,91	0,69	0,77	0,82
Ho	0,36	0,73	0,62	0,71	0,63	0,48	0,71	0,87	0,61	0,55	0,62
A	7	19	20	13	14	13	6	14	11	10	12,7
A.E	0	3	1	2	2	2	0	1	0	0	1,1

R7. Análisis Bayesiano de la estructura poblacional

El análisis de los materiales coleccionados en la zona de Yungas mostró la existencia de distintos *pooles* o acervos génicos dentro de este conjunto. El valor de K con mayor probabilidad fue K= 3 según lo inferido a partir de los análisis de probabilidad bayesiana (LnP(D) y ΔK) (Figura R29 A-B respectivamente). Las estimas de probabilidad para los diferentes valores de K y ΔK se encuentran en el apéndice (Apéndice, Tabla A10-11 respectivamente).

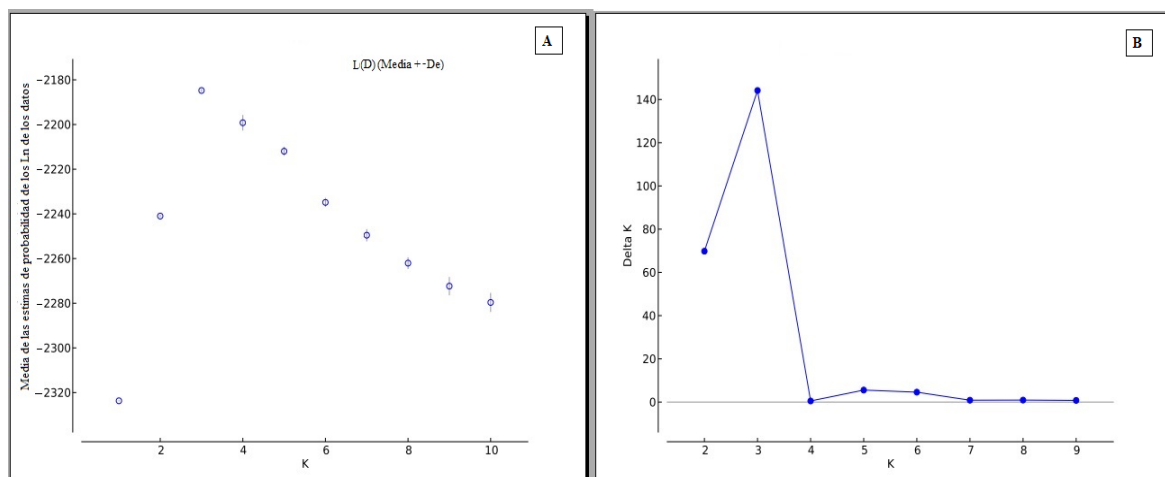


Figura R29. Gráfico de valores medios de probabilidad (A) y Delta K (B) en función de K. Valores obtenidos del análisis bayesiano para el total de individuos coleccionados en la zona de Yungas.

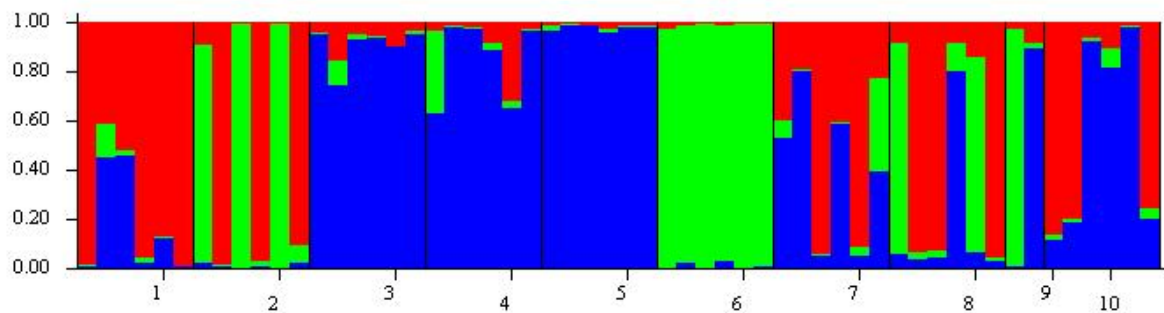


Figura R30. Análisis de acervos genéticos en la colección de Yungas mediante el método bayesiano. Cada línea vertical representa a un individuo. Los colores indican la contribución de cada individuo a los diferentes acervos en base al método bayesiano. Las líneas negras conforman los límites entre las entradas analizadas.

Nombre racial y número de entrada-1: 8 Rayas (NH2914), 2: Cuarentón (NH171), 3: Blanco y 8 Rayas (NH185), 4: Chiriguano (NH2950), 5: Chiriguano (NH2924), 6: Perla (NH182), 7: 8 Rayas (NH2909), 8: Perla (NH168), 9: Colorado (NH204), 10: 8 Rayas (NH2926).

Las entradas Blanco y 8 Rayas (NH185), Chiriguano (NH2950), Chiriguano (NH2924) y Perla (NH182) resultaron ser las más homogéneas desde el punto de vista genético con valores promedio de pertenencia (Q) superiores a 0,85, mientras que las entradas restantes mostraron un grado de mezcla mucho mayor tanto dentro como entre los individuos. En general, los grupos genéticos inferidos no mostraron asociación con la asignación racial de las entradas ni con la provincia de origen, con excepción del grupo verde que aparece mayormente en la provincia de Jujuy.

R.8. Análisis Discriminante de Componentes Principales (ADCP)

La aplicación del ADCP sobre los datos correspondientes a los materiales de las Yungas dio lugar al establecimiento de dos grupos genéticos (Figura R31). No obstante ello, las diferencias encontradas entre $K=1, 2$ y 3 no fueron marcadas, lo que nuevamente daría lugar a proponer un conjunto de valores de K como resultado igualmente probable (Tabla R21).

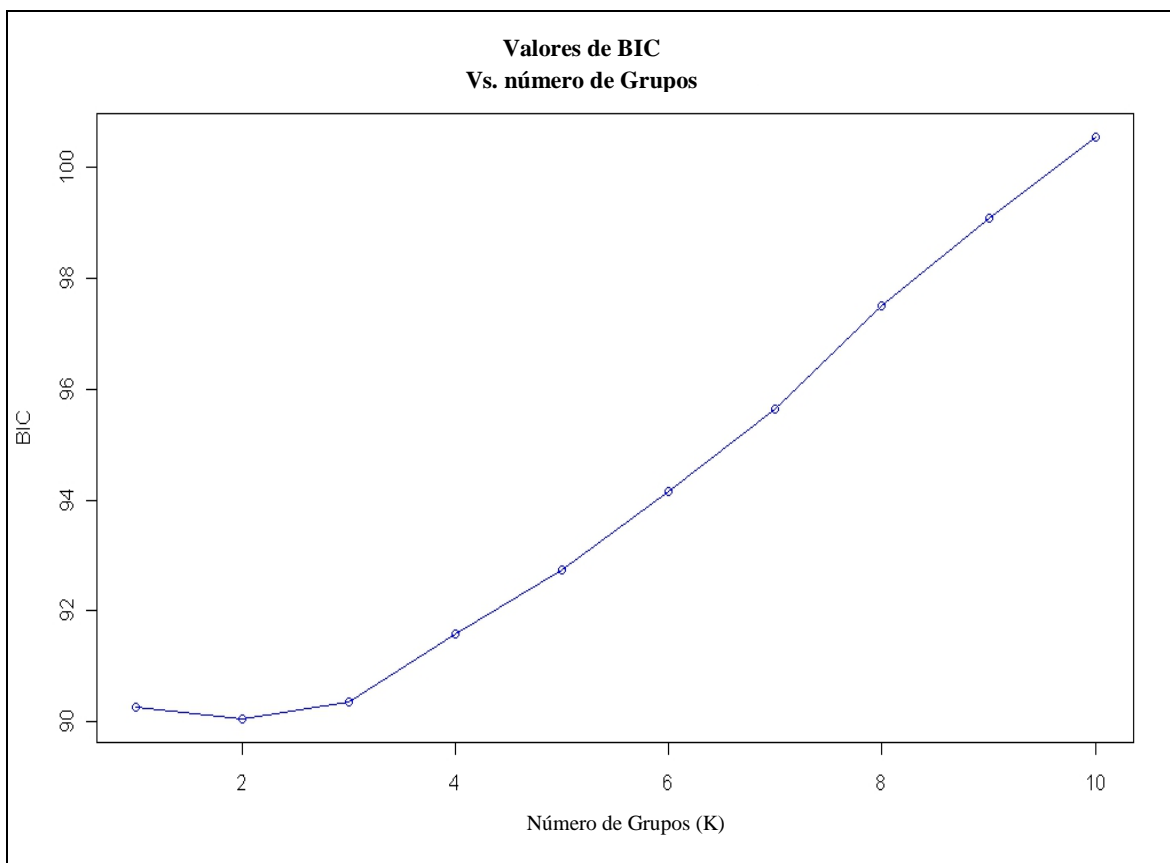


Figura R31. **Estimación del número de conjuntos genéticos (K).** El criterio de información bayesiano (BIC) es proporcionado para los diferentes números de grupos.

Tabla R21. **Análisis Discriminante de Componentes principales para entradas de maíz de las Yungas.** Valores de BIC para los sucesivos valores de K. En negritas se resalta el valor de K más probable.

K	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
BIC	90,26	90,06	90,35	91,59	92,74	94,17	95,68	97,40	99,02	100,58

Para K= 2, la función discriminante (Figura R32-I), mostró muy poco solapamiento entre los grupos formados. El grupo K2 quedó conformado mayoritariamente por los individuos provenientes de las entradas NH171 (Cuarentón) y NH182 (Perla), mientras que las demás entradas se ubicaron en el grupo K1 (Figura R33). Para el caso de K= 3 (Figura 32-II), los individuos se comportaron de forma más heterogénea, siendo las únicas entradas asignadas claramente a alguno de los grupos NH185 (Blanco y 8 Rayas), NH2924 (Chiriguano), NH2909 (8 Rayas) y NH2926 (8 Rayas) (Grupo K2) y NH182 (Perla) (Grupo K3) (Figura 34).

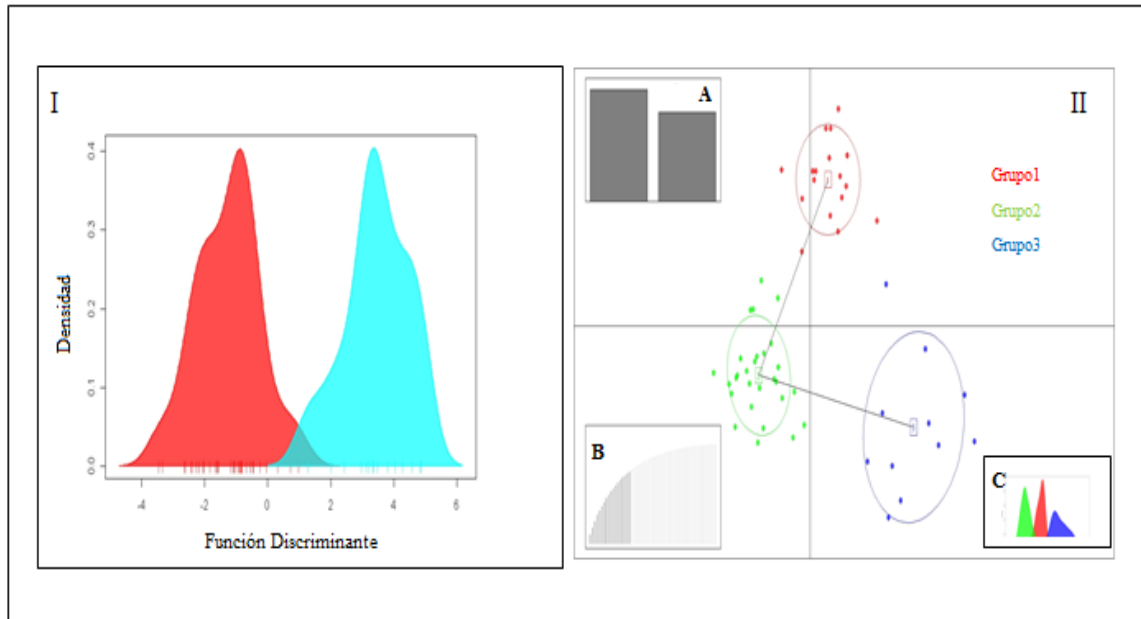


Figura R32. **Análisis Discriminante de Componentes Principales para las entradas de maíz de las Yungas.** I-K= 2 y II-K= 3 poblaciones genéticas. A= autovalores discriminantes más importantes. B= nivel de varianza total utilizada. C= nivel de diferenciación en el primer función discriminante.

Número de entrada y nombre racial

Para K= 2: **Rojo:** Ocho Rayas (NH2909), Chiriguano (NH2924), Ocho Rayas (NH2926), Chiriguano (NH2950), Cuarentón (NH9171), Perla (NH182) y Colorado (NH204). **Celeste:** Ocho Rayas (NH2914) y Perla (NH168).

Asignación de Individuos

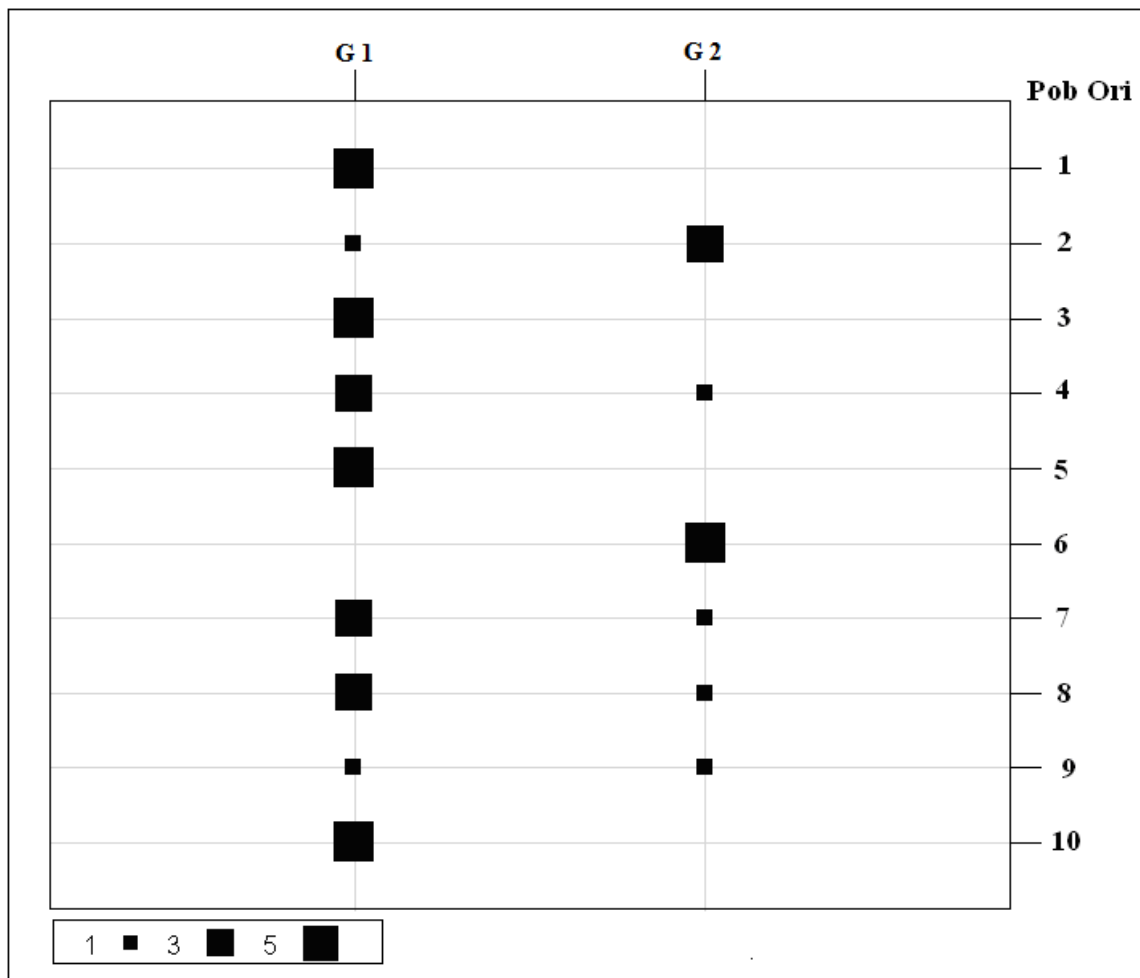


Figura R33. **Asignación de Individuos mediante ADCP para K=2.** G= poblaciones inferidas mediante el ADCP para K= 2 poblaciones genéticas. Pob Ori= población original. El tamaño de los rectángulos es proporcional al número de individuos asignados a la población inferida (G).

Nombre racial y número de entrada-.1: 8 Rayas (NH2914), **2:** Cuarentón (NH171), **3:** Blanco y 8 Rayas (NH185), **4:** Chiriguano (NH2950), **5:** Chiriguano (NH2924), **6:** Perla (NH182), **7:** 8 Rayas (NH2909), **8:** Perla (NH168), **9:** Colorado (NH204), **10:** 8 Rayas (NH2926).

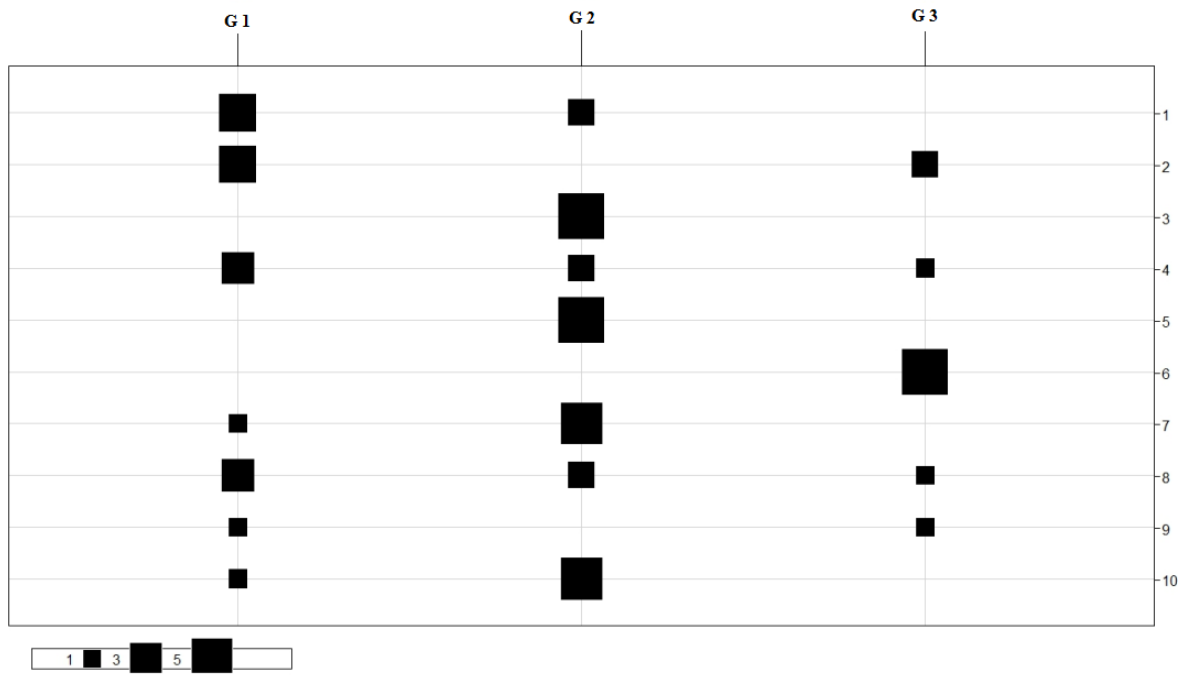


Figura R34. **Asignación de Individuos mediante ADCP para $K=3$.** G= poblaciones inferidas mediante el ADCP para $K=3$ poblaciones genéticas. El tamaño de los rectángulos es proporcional al número de individuos asignados a la población inferida (G).

Nombre racial y número de entrada-1: 8 Rayas (NH2914), 2: Cuarentón (NH171), 3: Blanco y 8 Rayas (NH185), 4: Chiriguano (NH2950), 5: Chiriguano (NH2924), 6: Perla (NH182), 7: 8 Rayas (NH2909), 8: Perla (NH168), 9: Colorado (NH204), 10: 8 Rayas (NH2926).

Maíces de Valles y Yungas

R.9. Análisis Conjunto de los maíces de los Valles y de las Yungas

Para comparar los niveles de diversidad de los maíces pertenecientes a las dos diferentes regiones de procedencia de los materiales estudiados en este trabajo se computaron las estimas de variabilidad genética que se presentan en la Tabla R22. En general, los maíces de los Valles mostraron mayores valores promedio que los maíces de las Yungas, aun cuando se realizaron las correcciones por tamaño de muestra.

Tabla R22. Diversidad genética en maíces de los Valles y de las Yungas. Estimas para 40 entrada de maíz de los Valles y 10 entradas de maíz de las Yungas. A: número promedio de alelos. Ho: heterocigosis observada. He: heterocigosis esperada Rs: riqueza alélica. M= media, DE= desvío Los valores promedios de riqueza alélica se estimaron a partir de 52 individuos.

	A		Ho		He		Rs	
	M	DE	M	DE	M	DE	M	DE
Valles	19,50	7,06	0,658	0,093	0,819	0,089	14,13	5,52
Yungas	12,70	4,5	0,623	0,144	0,820	0,086	12,63	4,48

Para continuar con el estudio de las dos regiones se decidió unir los individuos provenientes de Valles y Yungas dentro de un mismo análisis de estructura poblacional (655 individuos), utilizando los alelos generados por los 10 *loci* SSR comunes a ambos conjuntos de individuos.

La inferencia del número de grupos génicos mediante el método bayesiano permitió establecer como valores más probables a $K= 2$ ($\Delta K_2= 1757,1$) y $K= 4$ grupos ($\Delta K_4= 112,3$) (Figura 35 A-B), las estimas de probabilidad y los valores de ΔK se encuentran en apéndice (Apéndice, Tabla A12-13, respectivamente). Debido a la gran diferencia en valor entre ΔK_2 y ΔK_4 , se estableció a $K= 2$ como el mejor estimador de grupos genéticos, en donde los individuos pertenecientes a Yungas se agruparon junto a los individuos de los Valles pertenecientes al estrato de altura más bajo con valores promedio de pertenencia (Q) superiores a 0,85 (Figura R36 A).

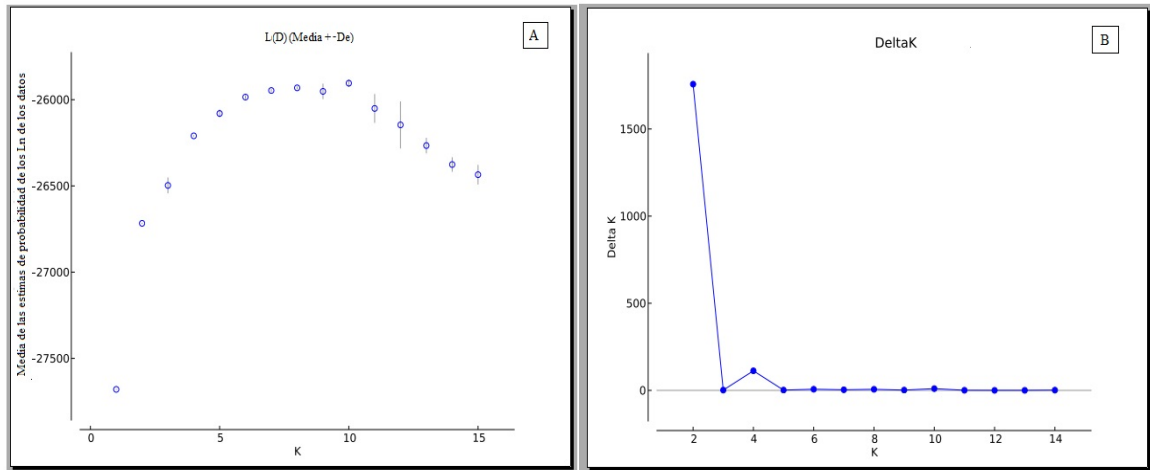


Figura R35. Gráfico de valores medios de probabilidad media (A) y Delta K (B) en función de K. Valores obtenidos del análisis bayesiano perteneciente a de individuos coleccionados en la zona de Valles y Yungas.

Aunque, cabe destacar que para el segundo valor más probable de grupos genéticos ($K=4$), el 72% de los materiales pudieron ser asignados de forma inequívoca a algún grupo, mientras que el 28% restante se dividió entre diferentes grupos (Figura 36 B). En detalle, 15 entradas que previamente fueron asignadas a la zona alta del gradiente de altura permanecieron juntas (Figura R36 B, color amarillo), mientras que, cinco formaron un nuevo grupo (Figura R36 B, color azul). Asimismo, cuatro entradas pertenecientes a la zona baja del gradiente de altura permanecieron juntas a las que se les suma Perla (NH182), entrada de Yungas (Figura R36 B, color rojo). Las entradas pertenecientes a Yungas, se mantuvieron juntas diferenciándose de la mayoría de las entradas de los Valles (Figura R36 B).

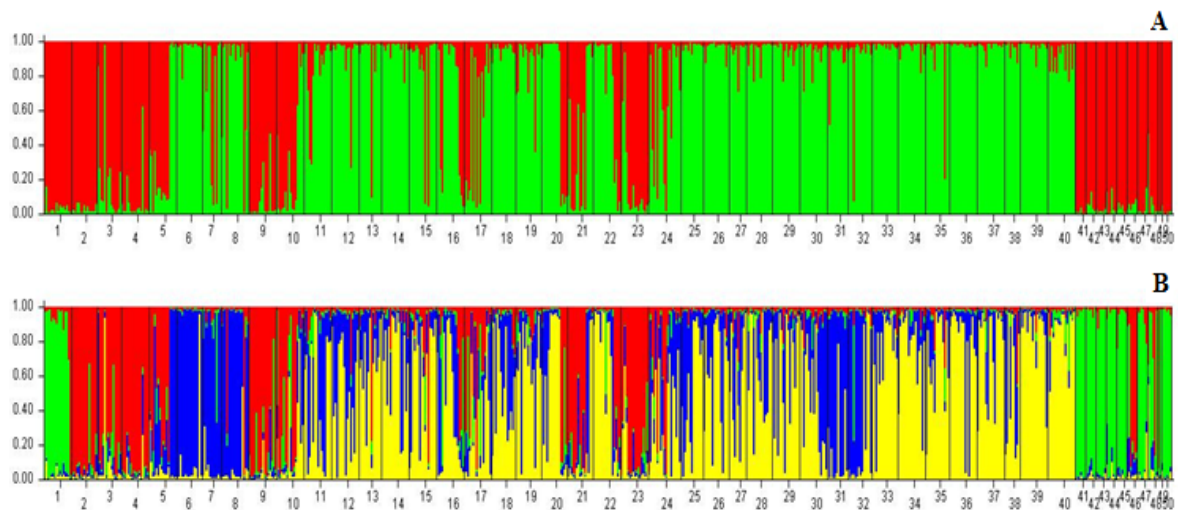


Figura R36. Análisis conjunto de maíces de los Valles y de las Yungas mediante métodos bayesianos. Asignación de individuos de las diferentes entradas para $K=2$ (A) y $K=4$ (B) grupos génicos. Los diferentes colores marcan grupos genéticos diferentes. Las líneas negras conforman los límites entre las entradas analizadas.

Nombre racial y número de entrada

Rojo: 1: Avatí Morotí (AM_1, 09020), 2: Avatí Moroti (AM_2, 08025), 3: Calchaquí (C_1, 08068), 4: Calchaquí (C_2, 08116), 5: Perla (P_1, 10082), 9: Dentado Blanco (DB_1, 10083), 10: Dentado Blanco (DB_2, 09404), 11: Amarillo de 8 Hileras (A8H_1, 09178), 17: Dentado Amarillo (DA_1, 09402), 21: Cristalino Amarillo (CrA_1, 10084), 23: Blanco de 8 Hileras (B8H_2, 09183), 24: Blanco de 8 Hileras (B8H_1, 09179), **Yungas:** 41: 8 Rayas (NH2914), 42: Cuarentón (NH171), 43: Blanco y 8 Rayas (NH185), 44: Chiriguano (NH2950), 45: Chiriguano (NH2924), 46: Perla (NH182), 47: 8 Rayas (NH2909), 48: Perla (NH168), 49: Colorado (NH204), 50: 8 Rayas (NH2914).

Verde: 6: Perla (P_2, 09298), 7: Perlita (Pe_1, 09265), 8: Perlita (Pe_2, 09220), 12: Amarillo de 8 Hileras (A8H_2, 09213), 13: Capia Blanco (CaB_1, 09283), 14: Capia Blanco (CaB_2, 09291), 15: Capia Amarillo (CaA_2, 09378), 16: Capia Amarillo (CaA_1, 09377), 18: Dentado Amarillo (DA_2, 09381), 19: Capia Variegado (CaV_1, 09264), 20: Capia Variegado (CaV_2, 09212), 22: Cristalino Amarillo (CrA_2, 09380), 25: Morochito (M_1, 09210), 26: Morochito (M_2, 09257), 27: Capia Garrapata (CaG_1, 09206), 28: Capia Garrapata (CaG_2, 09361), 29: Capia Rosado (CaR_1, 09228), 30: Capia Rosado (CaR_2, 09239), 31: Pisingallo (Pi_1, 09277), 32: Pisingallo (Pi_2, 09369), 33: Cuzco (Cuz_1, 09209), 34: Cuzco (Cuz_2, 09366), 35: Culli (Cu_1, 09307), 36: Culli (Cu_2, 09197), 37: Chulpi (Ch_1, 09207), 38: Chulpi (Ch_2, 09249), 39: Bolita (B_1, NA1), 40: Bolita (B_2, NA2).

Al igual que se hizo con los análisis independientes de cada región, el análisis de estructura conjunto también fue realizado mediante ADCP. A partir de ello, se obtuvo como resultado un conjunto de valores de K casi igualmente probables (Figura R37), $K=7$, 8 y 9, siendo $K=8$ el de menor BIC (Tabla R23). Debido al aumento de la variabilidad interna de los grupos y a la dificultad para inferir grupos claros mediante la visualización las salidas gráficas para $K=8$ y 9, se decidió tomar el valor de K más bajo para el estudio global de la estructura, en este caso $K=7$.

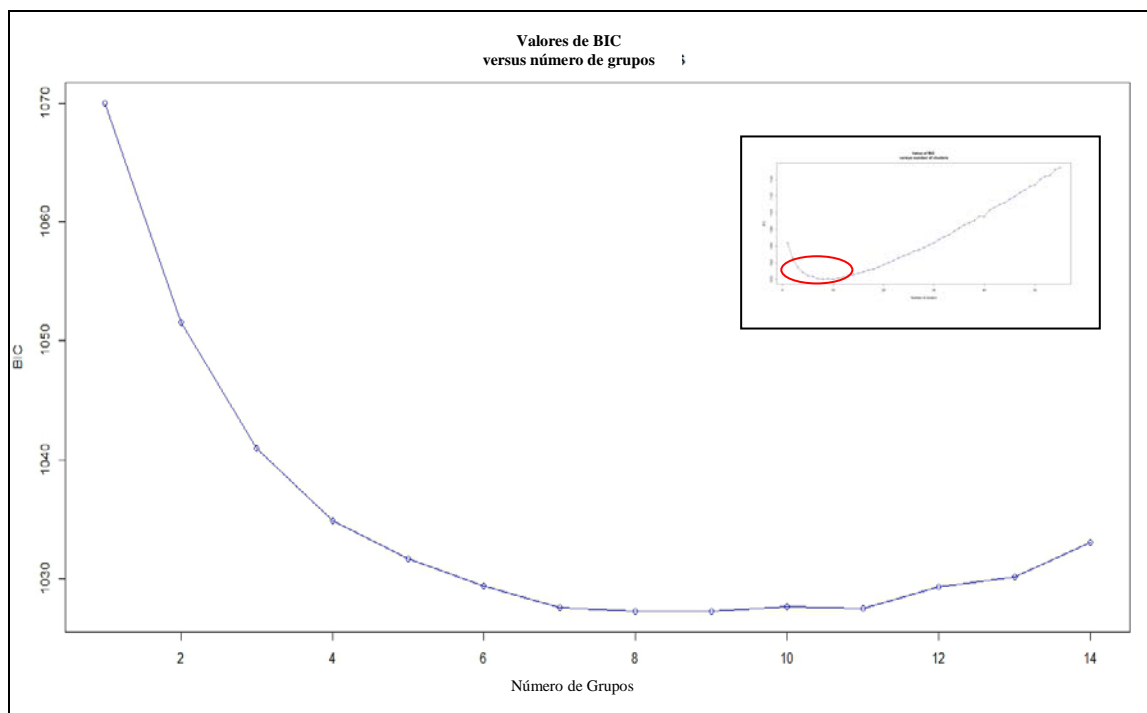


Figura R37. Estimación del número de conjuntos genéticos (K). El criterio de información bayesiano (BIC) es proporcionado para los diferentes números de grupos. La figura principal muestra la zona de la curva donde se establece el número más probable de grupos, mientras que la figura interna muestra todo el análisis (K= 1 a K= 55).

Tabla R23. Análisis Discriminante. Valores de probabilidad, BIC, de los sucesivos K grupos genéticos pertenecientes al total de individuos. En negritas se resalta el conjunto de individuos más probable.

K	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
BIC	1070	1051,5	1040,9	1034,9	1030,9	1029,9	1028,7	1026,8	1027,7	1028,1

En las Figuras R38 y R39 se muestra la conformación de la estructura detectada mediante el análisis para la totalidad del material estudiado en este trabajo. A pesar del grado de mezcla de los grupos formados para K= 7, fue posible detectar una mayor diferenciación para los grupos 2 (azul) y 4 (verde), cuyos integrantes provinieron principalmente de las entradas de las Yungas y de las entradas de los Valles correspondientes a Avatí Morotí 1-2 (ARZM09020-08025), Calchaquí 1-2 (ARZM08068-08116), Perla 1 (ARZM10082) y Dentado Blanco 1-2 (ARZM10083-09404). Estas últimas fueron asignadas al grupo de los maíces “del bajo” en los análisis anteriores (Figura R14)

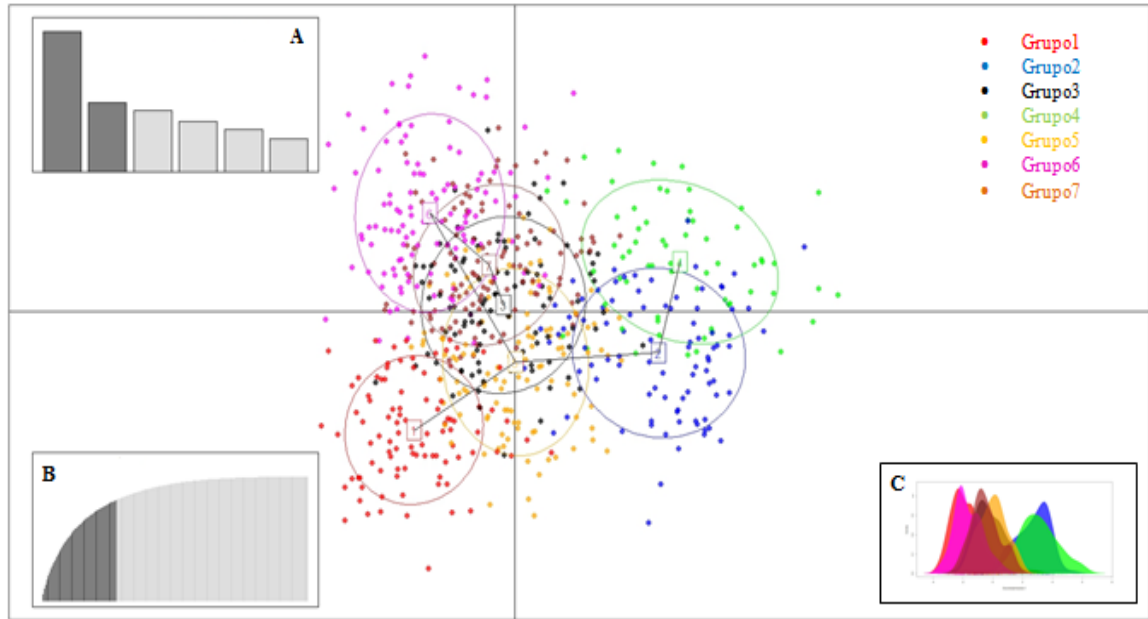


Figura R38. Estudio de la estructura poblacional mediante ADPC. Gráficos obtenidos aplicando ADPC en función a los dos primeros ejes principales. La línea negra representa un árbol de mínima distancia entre grupos. Los diferentes grupos se indican mediante diferentes colores. Las elipses de dispersión representan y son proporcionales a la varianza de los grupos. A= autovalores discriminantes más importantes. B= nivel de varianza total utilizada. C= nivel de diferenciación en el primer función discriminante.

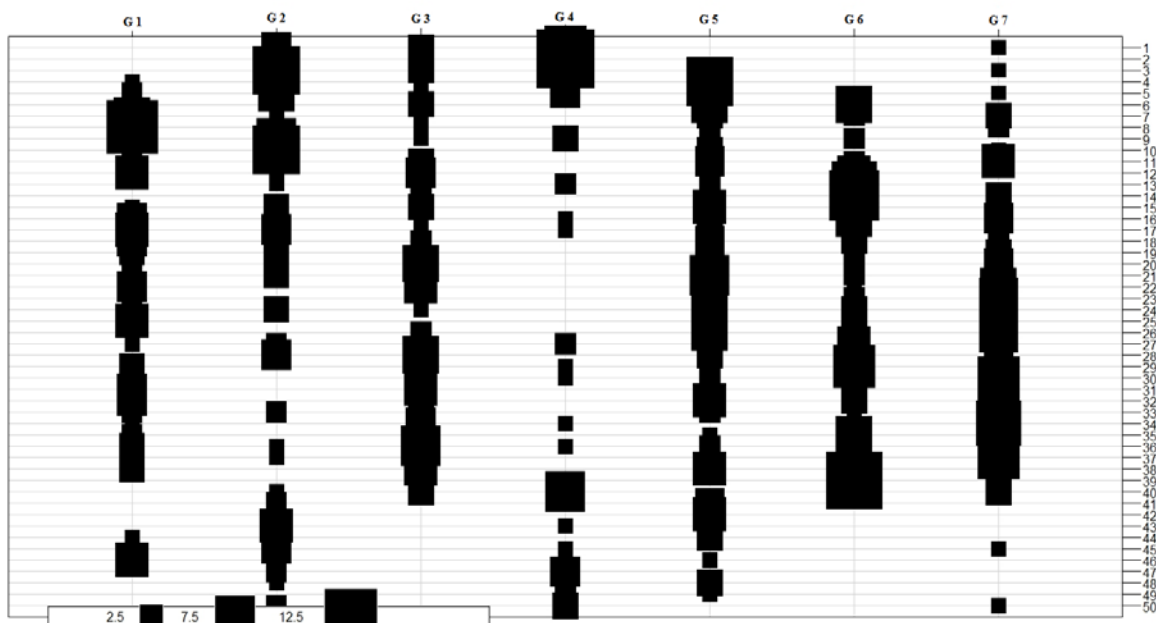


Figura R39. Asignación de individuos a las poblaciones inferidas mediante ADCP. G hace referencia a las poblaciones inferidas mediante el ADCP para K= 7 poblaciones genéticas. El tamaño de los cubos negros es proporcional al número de individuos asignados a la población inferida (G).

Nombre racial y número de entrada

1: Avatí Morotí (AM_1, 09020), 2: Avatí Morotí (AM_2, 08025), 3: Calchaquí (C_1, 08068), 4: Calchaquí (C_2, 08116), 5: Perla (P_1, 10082), 6: Perla (P_2, 09298), 7: Perlita (Pe_1, 09265), 8: Perlita (Pe_2, 09220) 9: Dentado Blanco (DB_1, 10083), 10: Dentado Blanco (DB_2, 09404), 11: Amarillo de 8 Hileras (A8H_1, 09178), 12: Amarillo de 8 Hileras (A8H_2, 09213), 13: Capia Blanco (CaB_1, 09283), 14: Capia Blanco (CaB_2, 09291), 15: Capia Amarillo (CaA_2, 09378), 16: Capia Amarillo (CaA_1, 09377), 17: Dentado Amarillo (DA_1, 09402), 18: Dentado Amarillo (DA_2, 09381), 19: Capia Variegado (CaV_1, 09264), 20: Capia Variegado (CaV_2, 09212), 21: Cristalino Amarillo (CrA_1, 10084), 22: Cristalino Amarillo (CrA_2, 09380), 23: Blanco de 8 Hileras (B8H_2, 09183), 24: Blanco de 8 Hileras (B8H_1, 09179), 25: Morochito (M_1, 09210), 26: Morochito (M_2, 09257), 27: Capia Garrapata (CaG_1, 09206), 28: Capia Garrapata (CaG_2, 09361), 29: Capia Rosado (CaR_1, 09228), 30: Capia Rosado (CaR_2, 09239), 31: Pisingallo (Pi_1, 09277), 32: Pisingallo (Pi_2, 09369), 33: Cuzco (Cuz_1, 09209), 34: Cuzco (Cuz_2, 09366), 35: Culli (Cu_1, 09307), 36: Culli (Cu_2, 09197), 37: Chulpi (Ch_1, 09207), 38: Chulpi (Ch_2, 09249), 39: Bolita (B_1, NA1), 40 Bolita (B_2, NA2). Yungas: 41: 8 Rayas (NH2914), 42: Cuarentón (NH171), 43: Blanco y 8 Rayas (NH185), 44: Chiriguano (NH2950), 45: Chiriguano (NH2924), 46: Perla (NH182), 47: 8 Rayas (NH2909), 48: Perla (NH168), 49: Colorado (NH204), 50: 8 Rayas (NH2914).

DISCUSIÓN

La conservación de germoplasma tiene como función asegurar la disponibilidad de variabilidad genética de especies de importancia socioeconómica actual o potencial en calidad y cantidad adecuadas (Zelener, 1998). Así, la finalidad de los bancos de germoplasma consiste no solo en almacenar y mantener protegidos los recursos fitogenéticos, sino también en promover su utilización para el desarrollo de la producción agrícola y el mantenimiento sostenible de los agro-ecosistemas. Una de las principales limitantes para el uso eficiente de los materiales conservados en los Bancos es la usualmente escasa caracterización disponible, especialmente a nivel de entradas (*accessions*) individuales (Fowler y Hodgkin, 2004; Qualset y Shands, 2005; Heywood, 2008; Khoury *et al.*, 2010). En este contexto, el presente trabajo de Tesis constituye un importante aporte a la conservación de los maíces nativos de nuestro país.

Los maíces pertenecientes a la región noroeste de la Argentina son la expresión más austral del conjunto de maíces conocidos como Andinos y presentan una ubicación periférica respecto del centro de origen del cultivo. Aun así, la Quebrada de Humahuaca y regiones vecinas de las provincias de Jujuy y Salta son muy importantes desde el punto de vista de la variabilidad de formas del maíz (Cámara Hernández *et al.*, 2007). El Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA) ha establecido a la conservación de los recursos genéticos como un tema prioritario. En razón de ello, a partir del año 1996 se ha consolidado la Red de Bancos de Germoplasma (RGB), entre los que se cuenta el Banco Activo de Germoplasma de Maíz de la EEA Pergamino (BAP), que proveyó los materiales para la realización de este estudio. Como se mencionara en la Introducción, sucesivos trabajos de colecta llevados adelante por el BAP en diferentes regiones del país han llevado a la incorporación de más de 2.500 entradas pertenecientes a razas locales, compuestos raciales y duplicados de materiales mejorados (Ferrer, 2012). Todas ellas se encuentran actualmente conservadas y protegidas en el BAP, sin embargo, ninguna de las entradas del NOA había sido caracterizada mediante marcadores moleculares hasta la realización del presente trabajo, y su caracterización morfológica se limitaba a la evaluación preliminar que se realiza como parte del proceso de ingreso al Banco. Es por ello que el objetivo principal de este trabajo fue evaluar y caracterizar la variabilidad de las entradas pertenecientes a poblaciones de maíz de esta región mediante el uso de dos diferentes aproximaciones al estudio de la diversidad. Por un lado, la utilización de métodos

tradicionales de medición y registro de caracteres morfológicos y, por otro, la utilización de herramientas moleculares.

D.1 Variabilidad morfológica de los maíces de los Valles.

Históricamente, los datos morfológicos han sido muy utilizados como descriptores de la variabilidad de un cultivo (Parodi, 1935, 1947; Anderson, 1943). Sin embargo, la identificación y selección de aquellos caracteres más informativos para fines de clasificación ha estado marcadamente influenciada por los criterios individuales establecidos por los especialistas de cada cultivo y/o zona geográfica. Es por ello que desde 1976, Biodiversity International (previamente International Board for Plant Genetic Resources (IBPGR) 1974–1991; International Genetic Resources Institute (IPGRI 1991–2006) ha alentado y contribuido con la elaboración de listas de descriptores que permitan establecer criterios mundialmente uniformes para el ingreso, caracterización y documentación de las entradas almacenadas en los bancos de germoplasma.

En el caso de las razas nativas de maíz, Goodman y Paterniani (1969) propusieron que los caracteres cuantitativos relacionados con los atributos de las mazorcas resultaban más apropiados para la clasificación racial que los caracteres morfológicos vegetativos, ya que estos últimos tienden a ser más plásticos, es decir, a presentar mayor grado de interacción entre el genotipo y el ambiente. Posteriormente, Sánchez-Gonzalez *et al.* (1993), sugirieron una lista mínima de nueve caracteres capaces de proveer una representación confiable de la morfología externa, incluyendo caracteres vegetativos y de mazorca. Del mismo modo, en estudios previos realizados sobre razas nativas de maíz de Argentina, caracteres morfológicos como altura de la planta, altura de la mazorca más alta y número de hojas, y caracteres reproductivos, como número de mazorcas por planta, número de filas granos por mazorca y largo de la mazorca, han demostrado ser muy importantes en la discriminación de maíces locales (Abiusso *et al.*, 1974; Cámara Hernández *et al.*, 1979, 1981; Miente Alzogaray *et al.*, 1996; Torregrosa *et al.*, 1980), Melchiorre *et al.*, 2004, 2006; Defacio, 2009). En consideración de lo expuesto, los caracteres morfológicos vegetativos y reproductivos utilizados para la realización del presente trabajo fueron seleccionados a fin de comprender todos los aspectos anteriormente detallados, pero siguiendo la lista de descriptores confeccionada por el IPGRI CIMMYT/IBPGR, 1991 con el objeto de facilitar la comparación e incorporación de los

datos aquí obtenidos en el marco de las redes fitogenéticas internacionales. Asimismo, además de características cuantitativas se incluyeron en el análisis características cualitativas que han sido tradicionalmente utilizadas para la delimitación racial (Melchiorre *et al.*, 2006).

El análisis de caracteres cuantitativos en las 30 entradas del BAP estudiadas en esta tesis permitió discernir dos grupos principales independientemente del método de análisis (Figuras R1 y R2). En contraposición, la evaluación de los caracteres cualitativos arrojó resultados más heterogéneos, obteniéndose grupos diferentes según se tratara de análisis de ordenación o de conglomerados, grupos que en ningún caso coincidían con los hallados para los caracteres cuantitativos (Figuras R3 y R4). Al integrar ambas fuentes de datos en el análisis de Procrustes Generalizado, se recuperaron tres grupos (Figura R5). El grupo 1 coincide con los grupos C1 y Co1 generados a partir de los datos cuantitativos, mientras que la unión de los grupos 2 y 3 posee una constitución similar a las de los grupos C2 y Co2. Nuevamente, los grupos hallados a partir de los caracteres cualitativos tampoco fueron coincidentes con los del análisis conjunto. La falta de consistencia en la delimitación de grupos a partir de caracteres cualitativos podría deberse a la escasa variabilidad entre poblaciones para la parte vegetativa, dado que rasgos como cobertura de espiga y tipo de espiga resultaron muy homogéneos para todas las entradas analizadas. Si bien los caracteres relacionados con los granos mostraron mayores niveles de variación, siendo color de grano el carácter más variable entre todas las entradas, su poder de discriminación tampoco resultó suficiente para el establecimiento de grupos. Por otro lado, ciertas entradas mostraron estados de carácter no esperados según la asignación racial establecida por el BAP. Por ejemplo, entradas como ARZM09361 asociada a la raza Capia Garrapata, ARZM09366 asociada a la raza Cuzco y ARZM09183 asociada a la raza Dentado Blanco presentaron tipo de grano cristalino; ARZM09264 y ARZM09212 asociadas a la raza Capia Variegado, presentaron grano dentado; ARZM09257 asociada a la raza Morochito presentó grano dentado, ARZM09307 asignada a la raza Cuzco presentó grano puntiagudo.

Al analizar conjuntamente la evidencia surgida del análisis de Componentes Principales y los resultados del análisis de Procrustes Generalizado, los caracteres vegetativos más importantes en la diferenciación de los grupos fueron: altura de planta, número de hojas, largo del pedúnculo de la panoja, largo de zona ramificada de la panoja y número de macollos, mientras que los caracteres de mazorca más relevantes fueron diámetro de mazorca, número de hileras y número de granos por hilera. Estos caracteres

morfológicos vegetativos y reproductivos están relacionados principalmente a la duración del ciclo vegetativo, lo cual sugiere que las diferencias encontradas entre los tres grupos en el nivel de producción de biomasa y semillas estarían influenciadas por el largo del ciclo vegetativo, rasgo que a su vez está muy relacionado con la ubicación geográfica del sitio original de colección de las entradas. Dicha relación queda también evidenciada en los valores medios de altitud (msnm) de los diferentes grupos. Mientras que el Grupo 1 presenta el mayor valor medio de altitud (2812+/-180 msnm), y las entradas que lo componen poseen baja altura con pocas hojas, panojas de pedúnculo largo y zona ramificada corta con pocas ramificaciones secundarias, mazorcas de diámetro pequeño, con alto número de hileras de grano pero con pocos granos por hilera y endosperma más bien córneo, las entradas agrupadas en los Grupos 2 (2275+/-515 msnm) y 3 (2075+/-550 msnm) son plantas de mayor altura y número de hojas, con pedúnculo de panoja más corta pero zona ramificada más larga, con mayor número de granos por mazorca que el Grupo 1 y con granos de endosperma que va desde harinoso hasta parcial o totalmente córneo. En concordancia con lo hallado en el presente trabajo, Melchiorre y Bartoloni (1998) y Melchiorre *et al.* (2002) encontraron que los caracteres más discriminantes para la separación de grupos en un conjunto de razas nativas de NOA fueron días a floración, número de total de hojas, número de hojas a la inflorescencia, altura de planta, número de hileras de granos y ancho del grano. Del mismo modo, Defacio (2009) estudió 145 poblaciones de maíces nativos de la provincia de Buenos Aires y halló que los caracteres con mayor contribución al primer componente principal fueron altura de planta, altura de inserción de mazorca y diámetro de mazorca.

Desde el punto de vista de las afinidades raciales, Melchiorre *et al.* (2004) describieron dos grandes grupos para las razas de NOA, el primero, considerado más primitivo, y relacionado con los maíces de tipo Pisingallo (Pisingallo, Amarillo, Colita de rata), de ciclo corto, granos más bien córneos y plantas más pequeñas, y el segundo más heterogéneo, con granos total o parcialmente córneos y harinosos, plantas de mayor porte y características consideradas derivadas. Los grupos obtenidos en el presente trabajo son consistentes con dicha delimitación. Considerando las características descriptas en los párrafos precedentes, el Grupo 1 del análisis de Procrustes, constituido por los materiales referidos como Perla (ARZM09298), Perlita (ARZM09265, ARZM09220), Morochito (ARZM09257), Pisingallo (ARZM09277) y Amarillo de 8Hileras (ARZM09213), estaría vinculado con el grupo de los Pisingallos, mientras que los Grupos 2 y 3, conformados en su mayoría por entradas asignadas a las razas Capia y Dentado se corresponderían con los

considerados derivados. Las hipótesis de relación planteadas son asimismo avaladas por las afinidades propuestas por Cámara Hernández *et al.* (2012). Según estos autores, la raza Morocho estaría vinculada con las formas raciales de Bolivia denominadas Perla Blanco, Grande y Perla, integrantes del Complejo Racial Perla, en cuyo origen estaría involucrado el maíz Pisinkalla de Bolivia, que a su vez derivaría del Confite Puntigudo de Perú. Por su parte, el maíz Pisinkalla de Bolivia ha sido propuesto como ancestro del Pisingallo del NOA (Cámara Hernández *et al.*, 2012).

Antes de proseguir con las comparaciones raciales, es necesario aclarar que la designación racial utilizada en este estudio corresponde a la realizada por el BAP y puede o no coincidir con los nombres raciales utilizados por Cámara Hernández *et al.* (2012). Los procedimientos del BAP involucran la colección de espigas en parcelas de cultivos y en mercados de la región. En dichos sitios se registra el nombre local del material para luego ser llevado al Banco e identificado por un especialista. De este modo, el mismo material puede llevar diferentes nombres locales, o por el contrario, diferentes materiales pueden llevar el mismo nombre debido a factores culturales que llevan a divergencias o sinonimias en la utilización de algunos nombres. Además, como se mencionara previamente, existe un grado de subjetividad en la identificación que llevan adelante diferentes especialistas, lo cual también puede dar origen a discrepancias. Así, discordancias entre las entradas aquí descritas y las características esperadas para la correspondiente raza según Cámara Hernández *et al.* (2012), pueden derivar tanto de variabilidad genuina dentro de cada raza como de la comparación de entidades diferentes. En un intento por unificar criterios entre los especialistas de nuestro país y como parte del proyecto INTA AEBIO 2443 “Filogeografía e implementación de un sistema de monitoreo molecular de la identidad genética de cultivos andinos”, entre los años 2006 y 2009 se realizaron jornadas de clasificación conjunta entre el BAP y el Ing. Cámara Hernández. Entre las diferencias de nomenclatura halladas, las más relevantes en el contexto del presente trabajo se vinculan con las razas Morochito, Perlita y Perla. La raza Morochito no es reconocida por Cámara Hernández *et al.* (2012). Las plantas del BAP pertenecientes a la entrada M_2 (Raza Morochito, ARZM09257) presentaron características similares a las de la raza Morocho descrita por dichos autores, sin embargo, su altura promedio fue inferior. En el caso de las entradas identificadas por el BAP como raza Perla, ninguna de ellas se ajusta a la descripción de Cámara Hernández *et al.* (2012), lo cual coincide con las equivalencias establecidas en el marco del proyecto AEBIO 2443, en donde la raza Perla del BAP se asimiló a la raza Morocho de estos autores. Del mismo modo, la raza Perlita del BAP, que

tampoco es reconocida por Cámara Hernández *et al.* (2012), fue asimilada a la raza Chaucha. A pesar de haberse tenido en cuenta las equivalencias mencionadas, las entradas Pe_1 (ARZM09265), Pe_2 (ARZM09220), P_2 (ARZM09298) mostraron algunas diferencias con respecto a lo esperado según las descripciones de Cámara Hernández *et al.* (2012), especialmente en relación con la altura de las plantas. Si bien estas discrepancias podrían ser indicativas de una errónea asignación racial, dado que la altura de planta resultó ser uno de los factores con más injerencia en la delimitación de grupos, es necesario tener en cuenta que no fue posible realizar una comparación estadística de estas medidas. En cuanto a las condiciones experimentales utilizadas en cada caso, tanto en el trabajo de Cámara Hernández *et al.* (2012) como en las razas analizadas en esta Tesis las evaluaciones fueron hechas en sus áreas de origen, no obstante, las observaciones aquí realizadas corresponden a un único año de evaluación, hecho que no permite descartar la influencia del ambiente en las diferencias halladas.

Independientemente del sistema de clasificación utilizado, es interesante destacar que, en general, y contrariamente a lo esperado, las entradas asignadas a la misma raza, no mostraron mayor cohesión entre sí que con respecto a las restantes (Figuras R1, R2, R3, R4, R5). Este resultado pone de manifiesto la ausencia de límites raciales nítidos en los materiales aquí estudiados, ya que la variación dentro de las razas muchas veces se equiparó con la variación entre las mismas. Una explicación posible para la falta de asociación entre entradas asignadas a la misma raza radica en la cantidad y naturaleza de los caracteres utilizados en este trabajo, en especial de aquellos relacionados con la espiga y al grano, debido a que los caracteres utilizados por el IPGRI tienden a ser de tipo agronómico, útiles con fines de mejoramiento y producción, pero no así para la clasificación racial en donde deberían prevalecer caracteres de tipo botánico (Cámara Hernández, comunicación personal). Sin embargo, la aparición de caracteres fuera de tipo, como los registrados en ciertas entradas para tipo, color y forma de grano, sugiere una mayor incidencia de otros factores en la variabilidad intraracial observada. La existencia de caracteres fuera de tipo indica que algunos de los granos utilizados en esta evaluación fueron fruto de cruzamientos interraciales debido a la naturaleza anemófila de la dispersión del polen en maíz y a la falta de control que caracteriza al cultivo de materiales nativos. Los cruzamientos interraciales y la existencia de entradas con cierto grado de mezcla no sería un fenómeno raro sino, por el contrario, un evento esperable. Los pequeños productores de maíz de la región noroeste al igual que los mejicanos (Pressoir y Berthaud, 2004), y muy probablemente los de toda América, llevan adelante prácticas de cultivo que

permiten la generación involuntaria de cruzamientos interraciales. Este hecho, para algunos autores, fue, y es, esencial para la evolución del maíz como especie y su diversidad (Pressoir y Berthaud, 2004). Entre las principales causas que dan lugar a los cruzamientos entre razas puede mencionarse la siembra de diferentes formas o variedades de maíz en superficies pequeñas y muy cercanas entre sí por parte de los pequeños productores, lo cual facilita el intercambio de polen entre las diferentes variedades. Conjuntamente con ello, otra actividad comúnmente practicada por los productores locales es el intercambio de granos, acción que promueve la dispersión de las distintas formas del maíz entre productores que se encuentran geográficamente alejados.

La costumbre de intercambiar granos ha demostrado tener también consecuencias negativas para el mantenimiento de la variabilidad de los cultivos nativos. Esto se evidencia en el reemplazo de razas locales por introducidas que, por lo general, presentan ventajas económicas para los agricultores con la subsiguiente pérdida de esas formas de maíz debido al desuso de las mismas. Dentro de la dinámica de toma de decisiones por parte de los agricultores de la región sobre qué y cómo cultivar, Hilgert *et al.* (2013) encontraron que las variedades de maíz con menos formas de uso son cultivadas por un menor número de productores, lo cual incrementa las probabilidades de pérdida de variedades locales si se encuentra un sustituto para ellas. Un ejemplo de este proceso de erosión génica pudo detectarse en la Quebrada de Humahuaca donde los productores han reemplazado, en parte, sus materiales tradicionales por un maíz de origen boliviano. Este maíz boliviano, de endosperma totalmente harinoso y granos muy grandes, es utilizado en la gastronomía comercial desarrollada para el turismo, también se han introducido variedades con mazorcas de granos muy coloridos las cuales son muy codiciados por los turistas que visitan los Valles y las Quebradas de la región (Cámara Hernández, comunicación personal). De éste forma, no solo se produce una pérdida de la variabilidad genética debido al abandono de la siembra de ciertas razas locales, sino también, del legado cultural asociado a sus usos.

En conclusión, la caracterización morfológica aquí realizada no debe ser interpretada en términos taxonómicos ya que las entradas analizadas no constituirían una muestra representativa de las razas a las cuales fueron asignadas, ya sea por no haberse registrado los caracteres morfológicos apropiados, o más probablemente, debido al efecto de los cruzamientos interraciales. Debido a ello, los resultados obtenidos no serían estrictamente trasladables a la clasificación de las razas ya que podría llevar a inexactitudes taxonómicas, siendo, por lo tanto, características propias de las entradas aquí estudiadas.

Estos hallazgos refuerzan la idea planteada por la FAO en relación con la necesidad de caracterizar los materiales conservados en los Bancos a nivel de entradas individuales, y es especialmente importante en el caso del maíz, cultivo para el cual la dinámica de producción e intercambio de las razas nativas ha venido cambiando vertiginosamente en los últimos años, hecho que, sumado a la incorporación de materiales comerciales, ha llevado a desdibujar los límites raciales.

D.2. Variabilidad molecular de los maíces de los Valles

La obtención de los valores fenotípicos que caracterizan una variedad o entrada se basa en mediciones del carácter en numerosos individuos para generar un conjunto de datos que puedan ser estadísticamente analizados. En el caso del maíz, este hecho lleva a la necesidad de sembrar grandes números de individuos, lo que convierte a esta estrategia en costosa en tiempo y dinero. Los caracteres morfológicos como los que se utilizaron para describir las entradas de maíz de éste trabajo representan solo un reflejo parcial de lo que sucede a nivel genómico. Las diferencias o semejanzas en cualquier característica representan diferencias o semejanzas que tienen una base genética, pero dicha diferencia puede estar influida por el entorno debido a que el valor obtenido para el carácter resulta de la combinación de los efectos del genotipo y del ambiente. Por lo tanto, analizar directamente la variabilidad presente en el ADN representa una alternativa ventajosa para el estudio del grado de diversidad y diferenciación dentro y entre las razas y poblaciones, ya que no se ve afectada por la influencia del ambiente.

En este trabajo, se ensayaron 27 marcadores *SSR* y 22 de ellos fueron seleccionados por su reproducibilidad, facilidad de interpretación y alto porcentaje de amplificación. Los cinco *loci SSR* restantes mostraron dos dificultades para su utilización en los análisis poblacionales posteriores. La primera, fue la generación de configuraciones alélicas o electroferogramas de alta complejidad. Esta característica puede llevar a la indefinición del pico alélico debido a múltiples picos de similar intensidad de señal, o a establecer incorrectamente al individuo heterocigota, fenómeno que fue observado para los microsatélites *bnlg 105, 619 y 1523*, y que mostró acentuarse a medida que aumentaba el tamaño del alelo. La segunda dificultad hallada, fue la existencia de un alto porcentaje de fallas de amplificación (>15%) para los marcadores *bnlg 118 y 1839*. Estas fallas pueden ser atribuidas a dos factores: fallas en la reacción de amplificación debido a contaminantes

inhibidores de la reacción o a la existencia de alelos nulos. Situaciones similares han sido descritas previamente para razas nativas de maíz de NOA y NEA (Lia, 2004, Bracco *et al.*, 2012), no obstante en el presente trabajo se decidió eliminar del análisis a los marcadores conflictivos y no profundizar en las causas que daban lugar a dichos patrones.

D.2.1. Estudio de los niveles de diversidad

Como se mencionara en la introducción, la hipótesis más aceptada en relación con el origen del maíz cultivado propone que el maíz fue domesticado en México a partir del teosinte *Zea mays ssp. parviglumis* (Beadle, 1939; Doebley, 2004) y que, una de las posibles causas de la gran variabilidad genética del cultivo es el flujo génico ocurrido desde los teosintes hacia el maíz, especialmente en las etapas iniciales de la domesticación (Matsuoka *et al.*, 2002a; Doebley, 2004). Debido a la lejanía entre el NOA y la zona propuesta como origen del cultivo, se consideró *a priori* que la diversidad en la primera debería ser menor que aquella presente en la zona central de distribución del maíz. El análisis de la variabilidad genética en el conjunto de maíces de los Valles llevado adelante en este trabajo mediante la utilización de 22 marcadores *SSR* permitió detectar un número promedio de alelos por *locus* (A) de 19,77. Este valor de A mostró ser superior a los reportados por Reif *et al.* (2006) para las 24 razas mejicanas de maíz descritas por Wellhausen *et al.* (1952) analizadas mediante 25 *loci SSR* (A=7,84), al reportado por Pineda Hidalgo *et al.* (2013) para 28 entradas de razas nativas del Noroeste de México utilizando 20 *loci SSR* (A= 6,1), y a los 5,9 alelos por *locus* hallados por Reif *et al.* (2005) en cinco poblaciones europeas de maíz analizadas mediante 55 marcadores *SSR*. Asimismo, Vigouroux *et al.* (2008) analizaron entradas pertenecientes a la región Andina siendo el valor de A de 12,4, aunque es importante tener en cuenta que en dicho trabajo cada entrada estuvo representada por uno o dos individuos. En el NOA, Lia *et al.* (2009) estudiaron la diversidad en seis razas nativas (147 individuos) utilizando 18 marcadores *SSR* e informaron un valor de A de 10,2. Por su parte, Bracco (2012) analizó 15 razas (467 individuos) para la región NEA utilizando 15 marcadores *SSR*, siendo el valor de alelos promedio calculado de A=12,9. Como puede apreciarse, tanto a nivel regional como intraregional, el número de alelos encontrados en este trabajo resultó ser entre 1,5 y 3,3 veces el hallado para otras colecciones de materiales nativos.

Desde el punto de vista de la diversidad genética (H_e), trabajos como los de Pressoir y Berthaud (2004) sobre poblaciones de razas nativas mejicanas de maíces blancos del Valle de Oaxaca informaron niveles de H_e elevados ($H_e=0,65-0,72$) y similares a los hallados en este trabajo ($H_e=0,73$). Asimismo, Reif *et al.* (2006) y Pineda Hidalgo *et al.* (2013) establecieron valores de $H_e=0,61$ y $H_e=0,72$, respectivamente, para razas mejicanas, mientras que Vigouroux *et al.* (2008) encontraron que los maíces de la zona central de origen tendrían un valor de $H_e=0,81$ y que los de la región Andina presentarían un rango de 0,68 a 0,73. Para la región del NOA, Lia *et al.* (2009) reportaron un valor de 0,57 y Bracco (2012) encontró un valor de diversidad de 0,68 para la región del NEA. A diferencia de lo observado para el número de alelos, la heterocigosis promedio esperada fue similar en las diferentes regiones, lo cual sugiere que el número de alelos en frecuencias significativas es el mismo en las poblaciones o entradas en las distintas áreas consideradas.

Si bien comparar los valores de A y H_e puede servir como indicador de diferencias en los niveles de variabilidad detectada por diferentes trabajos, la utilidad de estas comparaciones es muchas veces discutible debido a las diferencias en la naturaleza de los *loci SSR* evaluados en cada caso (*i.e.* número de bases del motivo de repetición), en el número de individuos analizados y en el diseño de la recolección de muestras (Lia *et al.*, 2009). Una estrategia para superar parte de estas limitaciones consiste en hacer una comparación del total de alelos encontrados mediante la utilización del mismo conjunto de marcadores. En su trabajo de 2008, Vigouroux *et al.* dividieron al maíz en cuatro grandes grupos genéticos y los denominaron: Méjico Tierras Altas, Andes, Tropicales de Tierras Bajas y Norte de Estados Unidos. Utilizando para la comparación de las estimas de diversidad los 22 marcadores que dicho trabajo tiene en común con la presente tesis, los maíces del NOA ($A=19,75$) solo presentaron 13 alelos menos que los hallados para el grupo Méjico Tierras Altas ($A=20,4$), mientras que el grupo Andino presentó 37 alelos más ($A=21,45$) que el conjunto de poblaciones del NOA. Del mismo modo, Liu *et al.* (2003) analizaron la diversidad génica de un conjunto de 260 líneas endocriadas de maíz que representan las líneas públicas más importantes para la producción de maíz en zonas templadas, tropicales y subtropicales mediante 94 marcadores *SSR*, siendo 22 de ellos comunes con este trabajo de tesis. Para este conjunto de marcadores, las líneas endocriadas presentaron 482 alelos y un valor de $A=21,9$, mientras que, las poblaciones autóctonas de maíz mostraron un total de 435 alelos siendo $A=19,75$.

Las escasas diferencias en estas últimas comparaciones ponen de manifiesto el valor potencial de los maíces del NOA debido a que tan solo 40 entradas conservadas en el BAP albergan casi el mismo número de alelos que los materiales provenientes de las regiones indicadas como de mayor variabilidad para las razas nativas y que las líneas de mayor importancia para la producción de maíz en zonas templadas, tropicales y subtropicales.

A nivel de entradas individuales, el número promedio de alelos por población y la heterocigosis esperada promedio por población en las entradas del BAP del NOA ($A=6,95$, $He=0,73$) resultaron superiores en comparación con lo descrito para 25 poblaciones derivadas de distintos complejos raciales pertenecientes al Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo (CIMMYT) ($A=3,76$, $He=0,52$) (Reif *et al.*, 2004), para las poblaciones de Méjico analizadas en el trabajo de Reif *et al.* (2006) ($A=3,44$, $He=0,48$) y para el conjunto de razas nativas del Noroeste de Méjico estudiadas por Pineda Hidalgo *et al.* (2013) ($A=4,06$, $He=0,60$).

El análisis conjunto de las distintas estimas de diversidad consideradas en este trabajo reveló la existencia de mayores niveles de variabilidad en las entradas provenientes de la provincia de Tucumán y sur de Jujuy. Por otro lado, es interesante destacar que de las tres entradas que presentaron el mayor número de alelos exclusivos (M_1 ARZM09257, Pe_2 ARZM09220, DB_1 ARZM10083), dos de ellas corresponden al Grupo 1 obtenido en los análisis morfológicos, reforzando la idea de que se trata de un grupo marcadamente diferenciado de las restantes entradas.

En términos generales, al igual que lo observado para los caracteres morfológicos, los niveles de variación hallados no responden a la designación racial, sino que parecen constituir características específicas de cada entrada.

D.2.2. Distribución de la variabilidad genética

El maíz es una especie anemófila principalmente de polinización cruzada, pero posee la capacidad de autofecundación. Este comportamiento del maíz puede dar lugar a patrones endogámicos, alterando las proporciones genotípicas esperadas bajo la hipótesis de panmixia. Basándose solamente en la forma principal de fecundación del maíz se esperaría que las poblaciones presenten panmixia, y por lo tanto, que las frecuencias genotípicas estén dentro de las proporciones de equilibrio planteadas por Hardy-Weinberg.

Pero, la tendencia para las poblaciones aquí analizadas fue la falta de ajuste con desvío hacia el exceso de homocigotas. Diversas causas pueden mencionarse para explicar estas observaciones: 1) la existencia de alelos nulos; 2) selección, sub-estructuración poblacional o apareamiento preferencial; 3) un bajo número de individuos analizados en relación con los alelos encontrados en cada locus; y/o 4) las características del muestreo (análisis de granos provenientes de la misma mazorca).

La existencia de alelos nulos es una explicación muy utilizada para justificar la falta de ajuste a las proporciones de Hardy-Weinberg (Chakraborty *et al.*, 1992), y existen evidencias previas que avalan su consideración en el presente trabajo. De los 22 marcadores utilizados, 20 mostraron poseer alelos nulos en el análisis de las 260 líneas de maíz seleccionadas por Liu *et al.* (2003), haciendo suponer que la aparición de alelos nulos en las poblaciones de maíz aquí analizadas no sería inesperada. Es posible entonces que las desviaciones observadas tengan su origen, en parte, en la asignación errónea de individuos heterocigotas como homocigotas. Algo llamativo a tener en cuenta fue que dos de los marcadores que no presentaron alelos nulos en el trabajo de Liu *et al.* (2003) (bnlg 1287 y phi 072) ajustaron a las proporciones de equilibrio en esta tesis, mientras que el marcador phi 119, que solo registró presencia de alelo nulo en una de las 260 líneas endocriadas de maíz, también presentó ajuste para las entradas aquí estudiadas.

Diferentes métodos han sido propuestos para identificar alelos nulos y corregir en función de ello las frecuencias alélicas poblacionales, sin embargo estos métodos se basan en suponer ajuste a las condiciones de equilibrio de H-W (Van Oosterhout *et al.*, 2004), o bien en tener estimas previas de los índices de endogamia en las poblaciones analizadas (Van Oosterhout *et al.*, 2006). Dado que no es posible descartar la falta de panmixia en los materiales estudiados en este trabajo, ni tampoco se cuenta con estimas previas de los índices de endogamia para los mismos, todos los análisis subsiguientes fueron realizados sin efectuar correcciones a las frecuencias alélicas y asumiendo las distorsiones que podrían introducir los alelos nulos como parte del error global de la estimación.

Una alternativa adicional para explicar los desvíos al equilibrio de H-W observados en maíz fue propuesta por Dubreuil y Charcosset (1998). Ellos sugirieron que el solapamiento en los tiempos de maduración de las inflorescencias masculinas y femeninas podría producir apareamiento preferencial (autofecundación). Una de las consecuencias derivadas de ésta hipótesis indica que los *loci* directamente relacionados con la regulación de la floración, o aquellos ligados a ellos, presentarán desviaciones con respecto a la panmixia. Pressoir y Berthaud (2004) reportaron dicho fenómeno para tres marcadores *SSR*

(phi 011, phi 024 y phi 452693). Sin embargo, para el conjunto de marcadores seleccionados para esta tesis no se encontró ninguna evidencia de ligamiento con genes involucrados en la regulación de la floración.

Finalmente, es importante tener en cuenta la sensibilidad de las pruebas estadísticas utilizadas para evaluar el ajuste a las proporciones de equilibrio y el efecto del número de alelos asociados a cada *locus*, lo cual se vuelve más relevante en *loci* como bnlg 244, 1017, 1018, 1070, 1194, 1360, 1740 y 1917, que presentaron un alto número de alelos con un promedio de 32.

En relación con el análisis de diferenciación genética entre entradas, el valor global obtenido en este trabajo reveló un grado de diferenciación moderado ($F_{ST} = 0,09$). Esta estima fue muy cercana a los valores reportados por Nybom (2004), quien recopiló 104 estudios correspondientes a poblaciones naturales de diversas especies de plantas de fecundación cruzada ($F_{ST} = 0,008-0,076$). En concordancia con los bajos niveles globales, muy pocas comparaciones resultaron estadísticamente significativas en los análisis de diferenciación de poblaciones de a pares (Tabla R11). Este valor moderado de diferenciación es también compatible con la dinámica de producción de maíz en el NOA. El cultivo de maíz en la región es principalmente de subsistencia, pero una fracción de la producción suele ser intercambiado por los pobladores de distintas comunidades en diferentes mercados locales. Las semillas adquiridas en los mercados, son luego sembradas junto a las producidas por el comprador en la misma parcela de producción. Conjuntamente con el intercambio de granos de maíz, el tipo de producción que cierta fracción de los agricultores locales lleva a cabo promueve el mantenimiento de los niveles moderados de diferenciación. Debido a que las parcelas de cultivo, por lo general, son muy pequeñas y no solo producen maíz sino también otros cultivos, los agricultores optimizan el espacio sembrando diferentes razas de maíz en surcos contiguos. Estas costumbres y prácticas de cultivo hacen que el flujo génico sea relativamente continuo en la región sin permitir altos grados de diferenciación entre las diferentes poblaciones de maíz. Asimismo, estas prácticas promueven el aumento de la probabilidad de mezclas interraciales. Costumbres y prácticas en el manejo del cultivo de maíz muy similares fueron registradas en Méjico (Bellon y Brush, 1994; Louette *et al.*, 1997 y Louette y Smale, 2000). En especial, Pressoir y Berthaud (2004) señalaron que el manejo del cultivo de maíz llevado a cabo por los pequeños agricultores impacta directamente en el grado de diferenciación de las poblaciones de maíz.

Bajo el modelo de islas (Wright, 1951), se espera que las poblaciones alcancen un equilibrio entre la ganancia de alelos por flujo génico y la pérdida por deriva genética. Teóricamente, las limitaciones al libre flujo de genes producirían una diferenciación genética neutra, la cual debería aumentar con la distancia geográfica (Slatkin, 1993). En condiciones de equilibrio, los valores y la variabilidad de las estimas de F_{ST} de a pares aumentan con la distancia geográfica debido a que el efecto del flujo génico contrarresta el efecto de la deriva, y ese proceso es más marcado en distancias cortas. Al contrario, para los conjuntos de poblaciones que aún no están en el equilibrio, no hay ninguna relación entre las estimaciones de F_{ST} y las distancias geográficas. En este trabajo se detectó una correlación positiva y significativa entre los valores de F_{ST} y las distancias tanto altitudinal como geográfica, indicando que las poblaciones aquí analizadas ajustan a un patrón de aislamiento por distancia. Parte de esta diferenciación podría explicarse por la disminución de la llegada de polen o semillas (flujo génico) que sufrirían las poblaciones más alejadas entre sí. Entre los trabajos en los que se ha intentado medir la distancia a la cual el polen puede transportarse y lograr la fecundación, pueden mencionarse los trabajos de Paterniani y Stort (1974), Goggi *et al.* (2006 y 2007) y Arrit *et al.* (2007), ellos concluyeron que la máxima cantidad de polen y fecundación se encuentra entre los 10 y 20 metros de la fuente de origen de polen, y que los niveles de fecundación disminuyen considerablemente conforme se aleja de ella; sin embargo, reportaron la existencia de fecundación a distancias como 60, 100, 200 y 250 metros. Sauthier y Castaño (2004) llevaron adelante un estudio de dispersión de polen en el NEA en el cual se detectó polinización a una distancia de 597 metros de la fuente polínica, estando la polinización claramente influida por la distancia al emisor del polen y por la dirección del viento. Estos trabajos indican que el grano de polen no recorre grandes distancias con lo cual el flujo génico entre poblaciones de maíz de distintas localidades está dado por la llegada de semillas debida al intercambio llevado adelante por los productores locales.

En el caso de las poblaciones aquí examinadas, si bien se observó correlación significativa entre distancia genética y distancia geográfica, la asociación entre distancia y diferenciación genética fue más pronunciada para el componente de altura. En las zonas de mayor altitud las características ambientales se hacen más restrictivas para la producción de maíz debido a que las condiciones climáticas se vuelven menos propicias, limitando aún más el flujo génico. Al incrementarse la altitud, la temperatura disminuye, lo cual afecta significativamente el periodo vegetativo de la planta (Chávez *et al.*, 2009), las amplitudes térmicas son mayores, y las parcelas de terreno propicias para el cultivo se vuelven cada

vez menos numerosas y menos amplias, implicando una disminución en el número de semillas a sembrar y/o de variedades aptas.

D.2.3. Inferencia de grupos genéticos y su relación con la altitud

El análisis de la estructura poblacional mediante el método bayesiano permitió reconocer dos grupos principales asociados con la altitud del cultivo, los maíces “del alto” (sobre los 2000 msnm) y “del bajo” (hasta los 1990 msnm). Por su parte, los resultados del ADCP fueron compatibles con la existencia de tres, cuatro y cinco grupos genéticos. Sin embargo, al asumir la existencia de dos grupos e inspeccionar luego la constitución de los grupos obtenidos para $K=3$, $K=4$ y $K=5$, así como su distribución en el espacio determinado por los dos componentes principales, es posible observar que la distinción entre maíces “del alto” y “del bajo” sigue siendo un elemento subyacente a la distribución de la variabilidad. Así por ejemplo, para $K=3$, los maíces de la zona baja del gradiente se mantienen en un único conjunto mientras que los de la zona alta muestran mayor diferenciación dividiéndose en dos. Al aumentar el valor de K , se generan nuevas divisiones dentro de cada grupo y se difuminan los límites de asignación de algunas entradas cuyos individuos quedan repartidos en los distintos grupos, aunque respetando la condición de alto o bajo en la mayoría de los casos. El retículo de *Neighbor-Joining* obtenido a partir de las distancias genéticas de Nei (1972) permitió delimitar tres grupos en donde también se observa la influencia de la altitud, ya que el grupo G1 incluye sólo maíces de la zona baja, mientras que los maíces de la parte alta del gradiente se distribuyen en G2 y G3 (Figura R27). Es interesante destacar que de las tres metodologías empleadas, solo en esta última la delimitación hallada recupera alguno de los grupos observados en el análisis de datos morfológicos, siendo cinco de las seis entradas que integran G2 coincidentes con las cinco entradas que conforman el grupo de los maíces con afinidad a los pisingallos obtenido en el análisis morfológico.

En síntesis, independientemente de los supuestos involucrados en cada caso, las tres metodologías utilizadas para la inferencia de grupos utilizando los datos moleculares detectan claras diferencias en la composición genética de los maíces que se encuentran a distintos niveles de altitud. Además de aparecer consistentemente, estas diferencias mostraron ser estadísticamente significativas al ser evaluadas mediante el análisis de varianza molecular. No obstante, el porcentaje de variación explicado (5%) resultó inferior

al correspondiente al factor poblaciones dentro de grupos (10%), hecho concordante con la heterogeneidad observada dentro de los grupos en los análisis precedentes.

Por otro lado, los niveles de variabilidad también parecen acompañar la diferenciación entre grupos, constatándose una disminución de parámetros tales como diversidad genética y riqueza alélica en función del aumento de altura (Tabla R15). La disminución de la variabilidad en el conjunto “del alto” resulta congruente con las dificultades que conlleva la producción de maíz en un medio ambiente más riguroso como es el de altura donde las frecuencias de heladas son más altas y las bajas temperaturas son más probables, acortando los tiempos de maduración y desarrollo, y disminuyendo la producción de semilla. Consecuentemente, los tamaños poblacionales tienden a ser más pequeños, intensificando el efecto de la deriva genética y promoviendo la pérdida de diversidad.

Al considerar conjuntamente los datos morfológicos y moleculares, se mantienen los dos grandes grupos hallados en el APG utilizando únicamente datos morfológicos. Sin embargo, no es posible asociar dichos grupos a los distintos estratos de altitud (Figura R28). La falta de recuperación de los grupos “alto” y “bajo” podría derivar de una mayor influencia de los caracteres morfológicos sobre la matriz de distancia obtenida, debido a una mayor diferenciación entre entradas para dichas variables. En otras palabras, existen similitudes morfológicas entre entradas de diferentes niveles del gradiente de altura que conllevan a la formación de grupos mixtos en cuanto a altitud de cultivo. Este resultado puede explicarse considerando que los rasgos morfológicos son el blanco de la selección por parte de los productores, haciendo que características morfológicas similares puedan aparecer aun cuando la constitución genética de base es diferente. A pesar de que la relación de los grupos con la altitud no se vio reflejada en el fenograma, el análisis de correlación entre caracteres cuantitativos y altitud reveló una tendencia de variación clinal para los rasgos con mayor influencia en la delimitación de grupos (Tabla R19).

La relación entre altitud y variación genética ha sido un tema recurrente en el estudio de las razas nativas de maíz de América y se ha propuesto que la altitud sería una de las fuerzas más influyentes en el establecimiento de patrones de adaptación local (Perales y Hernandez Casillas 2005; Brush y Perales 2007, Mercer *et al.*, 2008). Diversos trabajos han documentado la existencia de correlaciones negativas entre altitud y contenido de ADN (Rayburn y Auger 1990, Rayburn 1990, Diez *et al.*, 2013), como así también entre altitud y heterocromatina (Mangelsdorf y Cameron 1942; Longley y Kato-Y 1965; Bennett 1976; Bretting *et al.* 1987). En particular para el NOA, Rosatto *et al.* (1998) hallaron una

asociación negativa entre altitud de cultivo y contenido de ADN del complemento regular, entre altitud y bandas heterocromáticas y una asociación positiva entre altitud y número medio de cromosomas B por individuo.

Diez *et al.* (2013) analizaron la variación en el tamaño del genoma de razas mejicanas a lo largo de dos transectas altitudinales independientes y concluyeron que los factores con mayor incidencia en la variación observada son aquellos relacionados con la geografía, especialmente con la altitud. Además, al analizar conjuntamente los coeficientes de correlación entre tamaño del genoma y diferentes variables ambientales con los coeficientes obtenidos para cada carácter en el modelo lineal generado por los autores se observa que los dos factores que surgen consistentemente como relevantes son: altitud y precipitación del mes más seco.

Utilizando un enfoque más experimental, Mercer *et al.* (2008) evaluaron la adaptación local de razas nativas de maíz de Méjico provenientes de tres niveles de altura (menos de 1000 msnm, entre 1000 y 2000 msnm, más de 2000 msnm). Los niveles de producción de semillas en las razas originarias de la fracción más baja resultaron altos independientemente de la altitud a la que fueron sembradas en el ensayo, aunque se detectó una disminución de su aptitud al ser cultivadas a más de 2000 msnm. Por su parte las razas originarias del segmento más alto mostraron ser particularmente sensibles a la altitud, con una drástica disminución en la formación de semillas al ser cultivadas en zonas bajas e intermedias. La asimetría del patrón observado llevó a los autores a proponer que, en general, para las razas de tierras altas el costo de desplazarse hacia regiones bajas es mayor que el costo experimentado por las razas de zonas bajas o intermedias al moverse hacia tierras altas. Para explicar estos hallazgos, los autores argumentan que algunas características ventajosas en condiciones de altura, relacionadas, por ejemplo, con la eficiencia en el uso del agua, la velocidad de floración o el número de hojas, podrían resultar perjudiciales en zonas bajas, mientras que la disminución de la aptitud que registran las razas de zonas bajas al ser cultivadas en altura podría ser explicada por una menor capacidad de fijar carbono a las bajas temperaturas que se registran en dichos ambientes en torno al momento de la floración.

En conclusión, considerando los antecedentes discutidos en los párrafos precedentes, los resultados del presente trabajo sugieren que, si bien no es posible descartar la influencia de otros factores que co-varían con la altura en el establecimiento de los patrones hallados, los dos conjuntos de maíces aquí identificados poseen acervos genéticos diferentes que les permiten desarrollarse en condiciones específicas. Ligado a ello, estos

dos conjuntos tendrían entonces el potencial para ser utilizados de manera diferencial en el mejoramiento de variedades comerciales de maíz dependiendo del tipo de adaptación requerida en cada caso.

D.2.4. Maíces de los Valles y su relación con el germoplasma de América

Distintos escenarios pueden postularse para explicar el patrón de estructuración genética hallado en este trabajo de tesis. Por un lado, el patrón de diferenciación observado puede responder a un proceso ocurrido en la región del NOA a lo largo de los siglos como consecuencia de la adaptación del germoplasma andino a las distintas condiciones de altura impuestas por los cultivadores locales. Por otro, los grupos genéticos identificados pueden reflejar la coexistencia actual en la zona de acervos génicos de distinto origen (ej. germoplasma andino vs. mejorado; germoplasma andino vs. germoplasma de tierras bajas tropicales). Considerando las hipótesis de introducción del maíz en América del Sur (Figura I3), esto último podría implicar un fenómeno de contacto secundario entre aquellos maíces que ingresaron por las zonas bajas del Este del continente y los que fueron introducidos por los Andes Centrales, tras un período inicial de aislamiento.

Lia *et al.* (comunicación personal) examinaron las relaciones de los materiales aquí analizados con los incluidos en los trabajos de Vigouroux *et al.* (2008), Lia *et al.* (2009) y Bracco (2012) a través del análisis bayesiano incorporado en el programa *Structure* sobre la base los 10 *loci SSR* comunes a los diferentes estudios. El resultado obtenido mostró la existencia de cinco grandes poblaciones genéticas (Figura 1D), unificando a los maíces de la zona baja del gradiente de altura de este trabajo (Figura 1D-color magenta) con los maíces pertenecientes a las Tierras Bajas Tropicales (Vigouroux *et al.*, 2008), mientras que los maíces pertenecientes a la zona alta del gradiente (Figura 1D-color verde) fueron asociados a los maíces Andinos de Vigouroux *et al.*, (2008). Al igual que lo encontrado en esta tesis, los grupos hallados por Lia *et al.* (2009) mostraron una constitución típicamente andina para los maíces cultivados por encima de los 2000 msnm, así como también la influencia de germoplasma originario de las Tierras Altas de México y Estados Unidos, especialmente en aquellos materiales vinculados con el grupo de los Pisingallos (Figura 1D-color azul). Asimismo, dichos autores también detectaron la presencia del acervo génico de las Tierras Bajas Tropicales en la raza Orgullo Cuarentón (VAV 6482, 910 msnm), raza que según Cámara Hernández *et al.* (2012) corresponde a un maíz comercial

de los denominados colorados que fuera introducido recientemente y constituye una raza incipiente.

Los resultados obtenidos refuerzan la hipótesis que postula la existencia de acervos génicos de distinta antigüedad coexistiendo actualmente en el NOA como consecuencia de un contacto secundario, cuyo origen puede remontarse tanto a tiempos históricos como relativamente recientes. La idea de una zona de contacto ubicada entre Bolivia, Argentina Paraguay y Uruguay en donde los maíces típicamente andinos se mezclan con aquellos de las tierras bajas del Este de Sudamérica ya había sido contemplada por Vigouroux *et al.* (2008). Esta interpretación de la estratificación altitudinal de la variabilidad genética no implica necesariamente que no exista adaptación, sino que ésta se habría producido con un mayor grado de aislamiento y diferenciación concomitante, lo cual podría impedir hoy en día la homogeneización de los acervos génicos de las razas de distintas alturas.

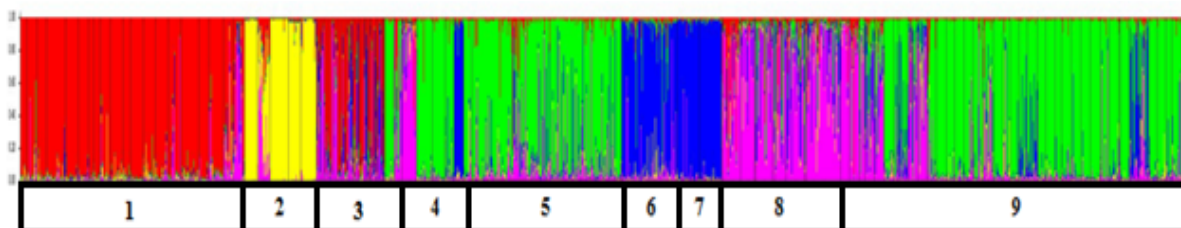


Figura D1. Estimación de la estructura poblacional con marcadores moleculares para maíces provenientes de diferentes de regiones del continente Americano. 1-Noreste Argentino-Comunidades Guaraníes de Misiones (Harinosos y córneo-harinosos), 2-Noreste Argentino- Comunidades Guaraníes de Misiones (Reventadores), 3-Noreste Argentino (Banco de Germoplasma), 4-Noroeste Argentino (Lia *et al.*, 2009), 5-Andinos (Vigouroux *et al.*, 2008), 6-Tierras altas de Méjico (Vigouroux *et al.*, 2008), 7-Estados Unidos (Vigouroux *et al.*, 2008), 8-Tierras bajas Tropicales (Vigouroux *et.al.*, 2008), 9- Noroeste

D.3. Variabilidad molecular de los maíces de las Yungas

En este trabajo se presentan por primera vez resultados provenientes de estudios de variabilidad a nivel molecular de maíces cultivados en la región de Yungas. Estos materiales no fueron incluidos en las caracterizaciones morfológicas debido a que fueron colectados durante el desarrollo de este trabajo, lo cual imposibilitó su acondicionamiento y siembra de forma conjunta con el resto de las entradas de maíz. Así, las diez entradas pertenecientes a la región de Yungas constituyen el primer paso para el conocimiento de la variabilidad presente en la región.

La variabilidad genética encontrada en las entradas de las Yungas pone de manifiesto que dicha región presenta un alto potencial como fuente de diversidad a nivel molecular (Tabla R22). Si bien el estudio de estos materiales tiene un carácter exploratorio, debido al bajo número de individuos analizados, fue posible encontrar alelos que no estuvieron presentes en los materiales originarios de los Valles del NOA. Asimismo, los niveles de diversidad y riqueza alélica fueron elevados y solo ligeramente inferiores a los hallados para los maíces de los Valles, resultando superiores a los descriptos para otras razas nativas americanas en los trabajos mencionados en la sección D.2.1 en el marco de las comparaciones con los maíces de los Valles.

El análisis de la estructura poblacional mediante métodos bayesianos y multivariados permitió inferir la existencia de dos a tres grupos genéticos y reveló una importante heterogeneidad dentro de ciertas entradas, especialmente evidente en el caso del ADCP. Estas observaciones concuerdan con los registros fotográficos disponibles en donde pueden apreciarse las diferencias morfológicas entre los ejemplares incluidos dentro de la misma entrada (Hilgert, comunicación personal). Por otro lado, las afinidades halladas no mostraron asociación con la raza ni con el lugar de origen, tanto a nivel de provincia como a nivel de productor.

Con el fin de investigar la relación entre los materiales colectados en las Valles y en la región de las Yungas se decidió reunir los individuos provenientes de ambos orígenes (692 individuos) en un único análisis de estructura poblacional. A diferencia de los análisis precedentes en donde se observaron resultados mayormente concordantes entre el método bayesiano y el ADCP, el número y naturaleza los de grupos identificados por este último resultó de difícil interpretación debido al alto grado de mezcla. Por el contrario, el método bayesiano mostró un patrón mucho más claro, identificando dos grupos principales,

reproduciendo la asignación hallada previamente para las entradas de los Valles e incluyendo a las entradas de Yungas entre los maíces “del bajo”, en concordancia con la altura de los sitios de colección correspondientes. Un aspecto a destacar es el poder resolutivo del subconjunto de marcadores utilizados en este análisis, dado que su nivel de variación permitió identificar los mismos grupos que fueron detectados con 22 *loci SSR* en los maíces de los Valles, evidenciando tan solo una ligera reducción de los valores de asignación promedio. De este modo, el presente trabajo aporta, además, un grupo acotado de marcadores con alto poder resolutivo para contribuir a una caracterización eficiente y relativamente económica de las numerosas entradas del BAP que aún no han sido estudiadas molecularmente.

Otro punto interesante surge de evaluar la constitución de los grupos al considerar $K=4$, segundo óptimo detectado por el método de Evanno *et al.* (2005). Allí puede verse que los maíces “del bajo” quedan divididos en dos grupos, uno de ellos integrado principalmente por los maíces de las Yungas y el otro por maíces de los Valles. Del mismo modo, aunque con mayor grado de mezcla que en el caso anterior, los maíces “del alto” también se dividen en dos grupos, pudiendo distinguirse en uno de ellos a cuatro de las cinco entradas pertenecientes al grupo con afinidad con los Pisingallos reconocido inicialmente en los análisis morfológicos.

En síntesis, los resultados aquí presentados muestran que si bien los maíces de las Yungas parecen tener gran afinidad con los maíces de las tierras bajas de los Valles, y por añadidura con los maíces de las tierras bajas tropicales descritos por Vigouroux *et al.* (2008), la presencia de alelos exclusivos y el patrón de diferenciación hallado en el análisis bayesiano sugieren que aún es necesario profundizar en el estudio de su variabilidad molecular y morfológica a fin esclarecer su relación con los restantes maíces de NOA y NEA y establecer criterios adecuados para su conservación.

D4. Consideraciones finales

Los resultados del presente trabajo constituyen una valiosa contribución para reforzar los programas existentes de conservación *ex situ* y delinear futuras estrategias de recolección y manejo. En especial, es necesario considerar la estructuración altitudinal hallada como un elemento determinante para futuras acciones. Como ejemplo de ello, Perales *et al.* (2003) encontraron que, en Méjico, la tasa de reemplazo de razas nativas por

variedades modernas es mucho mayor en las zonas bajas o intermedias que en las altas, dado que pocas variedades modernas son capaces de superar el desempeño de los materiales nativos en condiciones de altura. Estos resultados los llevaron a sugerir que en las zonas de altitud baja o intermedia, en donde las variedades modernas son muy competitivas y han desplazado en gran medida a las nativas, las intervenciones deberían favorecer estrategias de conservación *in situ*. Si bien no es posible extrapolar directamente esta dinámica a la región del NOA, resulta evidente que la estructuración en altura constituye un factor de peso que debe ser tenido en cuenta.

Desde el punto de vista del mejoramiento, los materiales aquí estudiados han mostrado poseer altos niveles de diversidad genética, lo cual trae aparejado la posibilidad de proveer alelos originales de interés agronómico. Tradicionalmente, los mejoradores han sido reticentes a utilizar razas nativas en el proceso de obtención de variedades. Sin embargo, esta situación ha comenzado a revertirse y existen experiencias recientes que dan cuenta del gran potencial de las razas nativas en este sentido. Presello *et al.* (1996) hallaron que 18 entradas del BAP correspondientes a cinco formas raciales de Argentina mostraron niveles de resistencia al Virus del Mal de Río Cuarto iguales o superiores a los de los testigos resistentes. Asimismo, Presello *et al.* (2006) estudiaron los niveles de resistencia de materiales nativos frente a *Fusarium graminearum* y *Fusarium verticillioides* y detectaron fuentes prometedoras de resistencia en 23 entradas de razas nativas provenientes de distintas regiones ecogeográficas del país. Dadas las condiciones ambientales características del NOA, las entradas analizadas en el presente trabajo ofrecen una perspectiva interesante para explorar fuentes de tolerancia en rasgos tales como tolerancia a frío, sequía o radiación ultravioleta.

CONCLUSIONES

La evaluación morfológica y molecular de los materiales preservados en el Banco Activo de Germoplasma INTA Pergamino permitió arribar a las siguientes conclusiones

I) Los caracteres morfológicos cuantitativos seleccionados en este trabajo resultaron más consistentes en la recuperación de grupos que los caracteres cualitativos. Así, los grupos formados mediante los análisis morfométricos quedaron principalmente definidos por la arquitectura general de la planta.

II) Las entradas del NOA conservadas en el BAP constituyen una fuente promisoría de alelos originales para caracteres de interés agronómico, dado que albergan niveles de diversidad molecular levemente menores a los reportados para razas nativas de la zona de origen del cultivo y superiores a los encontrados en otras regiones de América o Europa.

III) La altitud es un factor determinante en la estructuración poblacional de los maíces de los Valles, tanto en relación con los niveles de diferenciación molecular como en lo concerniente a la variación de los parámetros de diversidad.

IV) Las entradas de las Yungas presentaron niveles de variabilidad considerables, aportando alelos novedosos, ausentes en los materiales provenientes de los Valles.

V) La variación morfológica y molecular observada entre las entradas asignadas a una misma raza resultó igual o mayor que la correspondiente a entradas de razas distintas, subrayando la necesidad de caracterizar los materiales conservados en el BAP a nivel de entradas individuales para una mejor utilización y manejo.

VI) En su conjunto, la región del NOA comprende al menos dos acervos génicos distintivos, justificando su consideración como unidades de manejo independientes en los programas de conservación.

BIBLIOGRAFÍA

- Abarza S, Schimpf J, Ramos M, Vignale N (2004). Espigas de un maíz indígena como recurso ornamental a preservar. Actas del II Congreso Argentino de Floricultura y Plantas Ornamentales; VI Jornadas Nacionales de Floricultura y I Encuentro Latinoamericano de Floricultura. Buenos Aires, 26/10/04. ISBN N° 987-521-142-7: 138-140.
- Abiusso N, Hernández J (1974). Los maíces autóctonos de la Quebrada de Humahuaca (Jujuy, Argentina), sus niveles nitrogenados y su composición en aminoácidos. Revista Facultad Agronomía Buenos Aires, 3° época, 50: 1-2.
- Anderson E, Cutler H (1942). Races of Zea mays: I. Their recognition and classification. Annals of the Missouri Botanical Garden. 69-88.
- Anderson E (1943). A variety of maize from the Rio Loa. Annals of the Missouri Botanical Garden. 469-475.
- Anderson E (1947). Field studies of Guatemalan maize. Annals of the Missouri Botanical Garden. 433-467.
- Arriitt R; Clark C; Goggi S; Lopez Sanchez H; Westgate M; Riese J (2007). Lagrangian numerical simulations of canopy air flow effects on maize pollen dispersal. Field Crops Research. 102(2):151-162.
- Beadle G (1932). Studies of Euchlaena and its hybrids with Zea. Molecular and General Genetics. 62(1), 291-304.
- Beadle G (1939). Teosinte and the origin of maize. Heredity. 30: 245-247.
- Bellon M, Brush S (1994). Keepers of maize in Chiapas, Mexico. Economic Botany 48: 196-209.
- Bennett M (1976). DNA amount, latitude and crop plant distribution. Current Chromosome Research pp. 151-158, edited by K. Jones and P. E. Brandham. North Holland Publishing Company, Amsterdam.
- Boruvka O (1926). Contribution to the solution of a problem of economical construction of electrical networks en Czech. Elektronický Obzor. 15: 153-154.
- Bracco M, Lia V, Gottlieb A, Hernández J, Poggio L (2008). Genetic diversity in maize landraces from indigenous settlements of Northeastern Argentina. Genetica. 135(1), 39-49.
- Bracco M (2012). Variabilidad microsatellite en maíces reventadores autóctonos. Tesis Doctoral. Facultad de Ciencias Exactas y Naturales-Universidad de Buenos Aires.

- Bracco M, Lia V, Hernández J, Poggio L, Gottlieb A (2012). Genetic diversity of maize landraces from lowland and highland agro-ecosystems of Southern South America: implications for the conservation of native resources. *Annals of Applied Biology*. 160(3), 308-321.
- Bramardi S, Bernet G, Asíns M, Carbonell E (2005). Simultaneous agronomic and molecular characterization of genotypes via the Generalised Procrustes Analysis: An Application to Cucumber. *Crop Science*. 45:1603-1609.
- Bretting P, Goodman M, Stuber C (1987a). Karyological and isozyme variation in West Indian and allied American mainland races of maize. *American Journal of Botany*. 74: 1601-1613.
- Brown W, Anderson E (1947). The northern flint corns. *Annals of the Missouri Botanical Garden*. 1-29.
- Brush S, Pereales H (2007). A maize landscape: Ethnicity and agro-biodiversity in Chiapas Mexico. *Agriculture, Ecosystems & Environment*. 121: 211-221.
- Cámara Hernandez J, Miente Alzogaray A (1979). Las razas de maíz de la provincia de Salta. Resúmenes XVII. Jornadas Argentinas de Botánica, Santa Rosa.
- Cámara Hernandez J, Miente Alzogaray A (1981). Razas de maíz (*Zea mays* L.) nativas de Tucumán y Catamarca. Resúmenes XVIII. Jornadas Argentinas de Botánica, Tucumán.
- Cámara Hernandez J, Miente Alzogaray A (1997). Las razas de maíz de Jujuy y Salta, Argentina, pp. 19-23 in 1er. Taller Internacional de Recursos Fitogenéticos del Noroeste Argentino, Salta, Argentina.
- Cámara Hernandez J, Arancibia De Cabezas Y (2007). Maíces Andinos y sus usos en la Quebrada de Humahuaca y Regiones Vecinas. Editorial Facultad de Agronomía, UBA.
- Cámara Hernandez J, Miente Alzogaray A, Bellón R, Galmarini A (2012). Razas de maíz nativas de la Argentina. Editorial Facultad de Agronomía, UBA.
- Chakraborty R, De Andrade M, Daiger S, Budowle B (1992). Apparent heterozygote deficiencies observed in DNA typing data and their implications in forensic applications *Annals of Human Genetics*. 56(Pt 1):45-57
- Chávez R; Schmidt W; Gutiérrez G (2009). Transferencia de genes de precocidad y tolerancia al frío a poblaciones híbridas de maíz en zonas altoandinas del sur del Perú. *IDESIA (Chile)*. 27, 1: 67-82.
- Chen C, Durand E, Forbes F, François O. (2007). Bayesian clustering algorithms ascertaining spatial population structure: a new computer program and a comparison study. *Molecular Ecology Notes*. 7(5), 747-756.

- Corander J, Marttinen P, Sirén, J, Tang J (2008). Enhanced bayesian modelling in BAPS software for learning genetic structures of populations. *BMC bioinformatics*. 9(1), 539.
- Cutler H, Cardenas M. (1947). Chicha, a native South American beer. *Botanical Museum Leaflets, Harvard University*. 33-60.
- Dellaporta I, Wood J, Hicks J (1983). A plant DNA miniprep: version II. *Plant Molecular Biology Reporter*. 1: 19-21.
- Defacio R (2009). Caracterización y evaluación de la variabilidad genética en poblaciones nativas de maíz (*Zea mays* L.) de la provincia de Buenos Aires en base a descriptores morfológicos y agronómicos. Tesis de Maestría en Genética Vegetal. Universidad Nacional de Rosario. 93p
- Diez C, Gaut B, Meca E, Scheinvar E, Montes-Hernandez S. (2013). Genome size variation in wild and cultivated maize along altitudinal gradients. *New Phytologist*. 199(1): 264-276.
- Dje Y, Heuertz M, Lefebvre C, Vekemans X (2000). Assessment of genetic diversity within and among germplasm accessions in cultivated sorghum using microsatellite markers. *Theoretical and Applied Genetics*. 100: 918-925.
- Doebley J (1984). Maize introgression into teosinte-a reappraisal. *Annals of the Missouri Botanical Garden*. 1100-1113.
- Doebley J, Goodman M, Stuber C (1985). Isozyme variation in the races of maize from Mexico. *American Journal of Botany*. 629-639.
- Doebley J (1990). *Molecular Systematics of Zea (Gramineae)*. *Maydica* 35: 143-150.
- Doebley J (2004). The genetics of maize evolution. *Annual Review Genetics*. 38: 37-59.
- Doebley J, Gaut B, Smith B (2006). The molecular genetics of crop domestication. *Cell*. 127(7), 1309-1321.
- Dubreuil P, Charcosset A (1998). Genetic diversity within and among maize populations: a comparison between isozyme and nuclear RFLP loci. *Theoretical and Applied Genetics*. 96(5), 577-587.
- Edwards R (1966). Comparisons of methods and procedures for intraspecific classification of *Zea mays* L. Ph.D. thesis, University of Illinois, Urbana. 100 P.
- El Mousadik A, Petit R (1996). High level of genetic differentiation for allelic richness among populations of the argan tree (*Argania spinosa* (L.) Skeels) endemic to Morocco. *Theoretical and Applied Genetics*. 92: 832-839.

- Ellis J, Pashley C, Burke J, McCauley D (2006). High genetic diversity in a rare and endangered sunflower as compared to a common congener. *Molecular Ecology* 15: 2345–2355.
- ESRI (Environmental Systems Research Institute) (2006). ArcGIS 9.2. Redlands, CA. www.esri.com
- Evanno G, Regnaut S, Goudet J (2005). Detecting the number of clusters of individuals using the software structure: a simulation study. *Molecular Ecology*. 14: 2611–2620.
- Excoffier L, Smouse P, Quattro J (1992). Analysis of molecular variance inferred from metric distances among DNA haplotypes: application to human mitochondrial DNA restriction data. *Genetics*, 131(2), 479-491.
- Eyhérabide G, Lorea R, Delucchi C, López C, Ferrer M, Presello D, Defacio R (2005). Evaluación del potencial de variedades nativas de maíz como recurso para el mejoramiento de un cruzamiento entre líneas duras coloradas. En: VIII Congreso Nacional de Maíz. 16 – 18 de noviembre. Rosario, Santa Fe (AR). P. 354-357.
- Felsenstein J, (1991-2004). Phylip (Phylogeny Inference Package), pp. University of Washington, Washington.
- Ferrer M (1997). Los recursos genéticos del maíz en Argentina. Libro de Resúmenes 1er. Taller Internacional de Recursos Fitogenéticos del Noroeste Argentino. Salta, Argentina.
- Ferrer M, Solari L, Hourquescos M (1998). Maíz. Los recursos fitogenéticos en Argentina. p. 27–29.
- Ferrer M (2012). Los recursos genéticos de maíz. Pp 107-124. En: Bases para el manejo del cultivo del maíz. Compilador/editor: Guillermo H. Eyherabide. Buenos Aires: Ediciones INTA 2012. 297 p. ISBN: 978-987-679-141-0
- Fowler C, Hodgkin T (2004). Plant genetic resources for food and agriculture: Assessing Global Availability. *Annual Review Environmental Resources*. 29, 143-179.
- Fraley C, Raftery A (1998). How many clusters? Which clustering method? Answers via model-based cluster analysis. *Computer Journal*. 41:578-588.
- Gallo L (2003). Conservación, manejo y uso sustentable de los recursos genéticos de la *Araucaria araucana* en Argentina, Comunidades Aucapan y Chiuquilihuin, San Carlos de Bariloche. Report on the project Conservation, Management and Sustainable Use of Forest Genetic Resources with Reference to Brazil and Argentina. International Plant Genetic Resources Institute, Rome, Italy.

- Garayalde A, Poverene M, Cantamutto M, Carrera A (2011). Wild sunflower diversity in Argentina revealed by ISSR and SSR markers: an approach for conservation and breeding programmes. *Annals of Applied Biology*. 158: 305–317.
- Gaut B, Doebley J (1997). DNA sequence evidence for the segmental allotetraploid origin of maize. *Proceedings of the National Academy of Sciences*. USA. 94: 6809-6814.
- Goggi S; Caragea P; Lopez Sanchez H; Westgate M; Arritt R; Clark C. (2006). Statistical analysis of outcrossing between adjacent maize grain production fields. *Field Crops Research*. 99:147-157.
- Goggi, S; Lopez Sanchez H; Caragea P; Westgate M; Arritt R; Clark, C. (2007). Gene flow in maize fields with different local pollen densities. *International Journal of Biometeorology*. 51:493-503.
- Goodman M, Paterniani E. (1969). The races of maize: III. Choices of appropriate characters for racial classification. *Economic Botany*. 23(3), 265-273.
- Goodman M, Bird R (1977). The races of maize IV: Tentative grouping of 219 Latin American races. *Economic Botany*. 31(2), 204-221.
- Goudet J (1995). F-stat version 1.2: A computer program to calculate F-statistics. *Journal of Heredity*. 86: 485-486.
- Gower J (1975). Generalised procrustes analysis. *Psychometrika*. 40:33-51.
- Hardy O, Vekemans X (2002). SPAGeDi: A versatile computer program to analyse spatial genetic structure at the individual or population levels. *Molecular Ecology Notes* 2: 618-620.
- Hardy O, Charbonnel N, Freville H, Heuertz M (2003). Microsatellite allele sizes: A simple test to assess their significance on genetic differentiation. *Genetics*. 163:1467–1482.
- Heywood V (2008). The use and economic potential of wild species: an overview, chap 43. In: Maxted N, Ford-Lloyd BV, Kell SP, Iriondo JM, Dulloo ME, Turok J (eds) 2008: crop wild relative conservation and use. CABI, Wallingford.
- Hilgert N (2004). "Las plantas en las festividades religiosas de la selva andina argentina." *Bulletin des Société Suisse Américanist* 68 (2004): 37-49.
- Hilgert N, Zamudio F, Furlan V, Cariola L (2013). The key role of cultural preservation in maize diversity conservation in the Argentine Yungas. *Evidence-based Complementary and Alternative Medicine*. Article ID 732760.
- Holmberg E. (1904). Investigación agrícola en la provincia de Jujuy. *Anales del Ministerio de Agricultura, Sección Agricultura - Sección Agricultura, Botanica y Agronomía, Agronomía* . Volumen II. Número 6.

- Horovitz S (1935). Distribución geográfica de factores genéticos en los maíces autóctonos del norte argentino. *Revista Argentina de Agronomía*. 2: 133-135.
- Iglesias J, Presello D, Botta G, Lori G (2006). Resistance of argentinian landraces to field accumulation of fumonisins, deoxynivalenol and zearalenona. En las actas de: *Advances in research on toxigenic fungi and mycotoxins in South America ensuring food and feed safety in a myco-globe context*. Villa Carlos Paz, Córdoba, Argentina. www.inta.gov.ar/pergamino/investiga/grupos/maiz/public_mai.htm
- Iltis H, Doebley J (1980). Taxonomy of *Zea*. Gramineae. II. Subspecific categories in the *Zea mays* complex and a generic synopsis. *American Journal of Botany*. 67: 994-1004.
- IPGRI (1991). *Descriptor for Maize*, International Maize and Wheat Improvement Center, Mexico City/International Board for Plant Genetic resources, Rome. ISBN 92-9043-189-1
- ISTA (2007). *International Rules for Seed Testing*. Annexe to Chapter 5. Germination
- Jombart T (2008). Adegenet: a R package for the multivariate analysis of genetic markers. *Bioinformatics*. 24:1403-1405.
- Jombart T, Devillard S, Balloux F (2010). Discriminant analysis of principal components: a new method for the analysis of genetically structured populations. *BMC Genetics* 2010 11:94. <http://www.biomedcentral.com/1471-2156/11/94>.
- Khoury C, Laliberté B, Guarino L (2010). Trends in ex situ conservation of plant genetic resources: a review of global crop and regional conservation strategies. *Genetic Resources and Crop Evolution*. 57(4), 625-639.
- Kimura M, Crow J (1964). The number of alleles that can be maintained in a finite population. *Genetics*. 49: 725-738.
- Kimura M, Ohta T (1978). Stepwise mutation model and distribution of allelic frequencies in finite populations. *Proceedings of the National Academy of Sciences*. USA. 75: 2868-2872.
- Lia V (2004). *Diversidad genética y estructura poblacional en razas nativas de maíz (Zea mays ssp. mays) del Noroeste Argentino: presente y pasado del germoplasma autóctono*. Tesis Doctoral. Facultad de Ciencias Exactas y Naturales-Universidad de Buenos Aires.
- Lia V, Confalonieri A, Poggio L (2007). B Chromosome polymorphism in maize landraces: adaptive vs. demographic hypothesis of clinal variation. *Genetics*. 177: 895-904.

- Lia V, Poggio L, Confalonieri V (2009). Microsatellite variation in maize landraces from Northwestern Argentina: genetic diversity, population structure and racial affiliations. *Theoretical and Applied Genetics*. 119(6), 1053-1067.
- Liu K, Goodman M, Muse S, Smith J., Buckler E, Doebley J (2003). Genetic structure and diversity among maize inbred lines as inferred from DNA microsatellites. *Genetics*. 165(4), 2117-2128.
- Liu N, Zhao H (2006). A non-parametric approach to population structure inference using multilocus genotypes. *Human Genomics*. 2(6):353-364.
- Longley A, Kato-Y T (1965). Chromosome morphology of certain races of maize in Latin America. International Center for the Improvement of Maize and Wheat (CIMMYT), Chapingo, Mexico. *Research Bulletin* 1: 112.
- López C, Eyhérbide G, Delucchi C, Percibaldi N, Castellarín J, Pedrol H, Borrás F (2005). Selección de poblaciones locales de maíz como fuente de alelos favorables para el mejoramiento del peso hectolítrico y la relación de molienda en un híbrido flint x dentado. En: VIII Congreso Nacional de Maíz. 16 – 18 de noviembre. Rosario, Santa Fe (AR). p. 358- 363.
- Lorea R, Eyhérbide G, Borrás F, Percibaldi M, Robutti J, López C, Pedrol H, Castellarín J, Delucchi C, Presello D (2007). Argentinian maize landraces (*Zea mays*, L) as genetic source for improving physical and chemical composition of grain. 1er Conferencia latinoamericana de la ICC-Rosario. www.inta.gov.ar/pergamino/investiga/grupos/maiz/public_mai.htm
- Louette D, Charrier A, Berthaud J (1997). In situ conservatiion of maize in Mexico: genetic diversity and maize seed management in a traditional community. *Economic Botany*. 51: 20-38.
- Louette D, Smale M (2000). Farmers´seed selection practices and traditional maize varieties in Cuzalapa, Mexico. *Euphitica*. 113: 25-41.
- Luna J, Safont Lis J (1978). El maíz en la Argentina. Vulnerabilidad y recursos genéticos. *Ciencia e investigación*, tomo 34, n° 3-4-5-6: 83-90.
- Mangelsdorf P, Cameron J, (1942). Western Guatemala: A secondary center of origin of cultivated maize varieties. *Botanical Museum Leaflet of Harvard University* 10: 217-252.
- Mantel N (1964). The detection of disease clustering and a generalised regresión approach. *Cancer Research*. 27: 209-220.
- Matsuoka Y, Vigouroux Y, Goodman M, Sanchez J, Buckler E, Doebley J (2002a). A single domestication for maize shown by multilocus microsatellite genotyping. *Proceedings of the National Academy of Sciences USA*. 99 (9):6080–6084

- Matsuoka Y, Mitchell S, Kresovich S, Goodman M, Doebley J (2002b). Microsatellites in *Zea* -variability, patterns of mutations, and use for evolutionary studies. *Theoretical and Applied Genetics*. 104: 436-450.
- Matus I, Hayes P (2002). Genetic diversity in three groups of barley germplasm assessed by simple sequence repeats. *Genome*. 45 (6): 1095-1106(12).
- Marino A (1934). La agricultura en la Quebrada de Humahuaca. Trabajo inédito, Institución Mitre, Buenos Aires. Referencia R. Ramella, Granos, año XII, Números 7, 8 y 9: 23.
- McClintock B, Yamakake T, Blumenschein A (1981). Chromosome constitution of races of maize: its significance in the interpretation of relationships between races and varieties in the Americas. Mexico: Colegio de Postgraduados.
- Melchiorre (1992). Phenetic relationship among different races of maices *Zea mays ssp. mays*. *Maydica*. 37: 329-338.
- Melchiorre P, Bartoloni N (1998). Poblaciones raciales de maíz (*Zea mays ssp. mays*) de la provincia de Salta. Evaluación de cruzamientos <<F₂>>. *Revista de la Facultad de Agronomía*. 18(3):147-156.
- Melchiorre P, Bartoloni N, Camussi A. (2002). Assessment of genetic differences among late landraces from the Argentine North-Western collection of maize (*Zea mays ssp. mays*). *Journal of Genetics & Breeding (Italy)*. 56:61-67.
- Melchiorre P, Bartolino N (2004). Phenetic relationships among native races of maize (*Zea mays ssp. mays*) from Northwestern Argentine (Catamarca). *Journal of Genetics & Breeding*. 28:233-242.
- Melchiorre P, Bartoloni N, Camara Hernandez J (2006). Phenetic relationships among native races of maize (*Zea mays*) from North-eastern Argentina (Misiones). *Journal of Genetics & Breeding*. 60 (3), 173.
- Mercer K, Martínez-Vásquez Á, Perales H (2008). Asymmetrical local adaptation of maize landraces along an altitudinal gradient. *Evolutionary Applications*. 1:489–500.
- Miante Alzogaray A, Cámara Hernández J. (1996). Restos arqueológicos de maíz (*Zea mays ssp. mays*) de Pampa Grande, Provincia de Salta, Argentina. *Relaciones de la Sociedad Argentina de Antropología*. 21.
- Minch E, Ruiz Linares A, Goldstein D, Feldman M, Cavalli Sforza L (1995-1996). Microsat (version 1.5b): a computer program for calculating various statistics on microsatellite allele data. (Program available from: <http://hpgl.stanford.edu/projects/microsat/>).
- Moore G, Devos K, Wang Z, Gale M (1995). Cereal genome evolution. Grasses, line up and form a circle. *Current Biology*. 5: 737-739.

- Naranjo C, Poggio L, Molina M, Bernatené E (1994). Increase in multivalent frequency in F1 hybrids of *Zea diploperennis* x *Zea perennis* by colchicine treatment. *Hereditas* 120(3): 241-244.
- Nei M (1972). Genetic distance between populations. *American Naturalist*. 106: 283-292.
- Nei M (1977). F statistics and analysis of gene diversity in subdivided populations. *Annals of Human Genetics*. 41: 225-233.
- Nei M (1987). *Molecular Evolutionary Genetics*. Columbia University Press, New York.
- Nybom H (2004). Comparison of different nuclear DNA markers for estimating intraspecific genetic diversity in plants. *Molecular Ecology*. 13(5), 1143-1155.
- Orona Castro F, Pecina Quintero V, Rocha Peña M, Cadena Hinojosa M, Martínez de la Vega, O, Almeyda León I (2006). Caracterización molecular de genotipos comerciales y elite de papa (*Solanum tuberosum* L.) en México. *Agricultura técnica en México*. 32(2), 171-180.
- Page R (1996). TREEVIEW: An application to display phylogenetic trees on personal computers. *Computer Applications in the Biosciences*. 12: 357-358.
- Parodi L (1935). Relaciones de la agricultura prehispánica con la agricultura argentina actual. Observaciones generales sobre la domesticación de las plantas. *Anales de la Academia Nacional de Agronomía-Veterinaria Buenos Aires*. 1:115-167
- Parodi L (1947). Los maíces indígenas de la República Argentina. *Anales de la Academia Nacional de Ciencias Exactas Físicas y Naturales de Buenos Aires*, Tomo XII, pp. 9-14.
- Parodi L (1966). *La agricultura aborigen en la Argentina*, EUDEBA 47.
- Parodi L (1972). *Enciclopedia argentina de agricultura y jardinería*, vol. 1. Buenos Aires: ACME [reimpreso in Dimitri, M.J., *Enciclopedia argentina de agricultura y jardinería*, 2 ed., 1: 951-971. Buenos Aires: ACME].
- Paterniani E, Stort A (1974). Effective maize pollen dispersal in the field. *Euphytica*. 23:129-134.
- Paz N (2009). Caracterización de la variabilidad genética en poblaciones locales de maíz mediante marcadores microsatélites. Tesis Maestría en Genética Vegetal; Área Mejoramiento Genético. Facultad de Ciencias Agrarias. Universidad Nacional de Rosario. Marzo. 68p.
- Perales H, Brush S, Qualset C (2003). Landraces of maize in central Mexico: an altitudinal transect. *Economic Botany*. 57:7-20.

- Perales H, Hernández Casillas J (2005). Diversidad del maíz en Chiapas. Diversidad biológica de Chiapas. Plaza y Valdés/ECOSUR/COCYTECH, México City, 337-355.
- Perez Almeida I, Montoya Aramburu M (2009). Calidad del grano y variabilidad genética de variedades y líneas de arroz del Instituto nacional de investigaciones agrícolas (INIA). *Agronomía Tropical*. 59(4), 445-456.
- Pflüger L, Schlatter A (1996). Isozyme variation in some races of maize from Argentina. *Genetic Resources and Crop Evolution*. 43(4), 357-362.
- Piperno D, Pearsall D (1998). *The Origins of Agriculture in the Lowland Neotropics*. Academic Press, San Diego.
- Piperno D, Ranere A, Holst L, Iriarte J, Dickau R (2009). Starch grain and phytolith evidence for early ninth millennium BP maize from the Central Balsas River Valley, Mexico. *Proceedings of the National Academy of Sciences USA*. 106: 5019-5024.
- Pineda Hidalgo K, Méndez Marroquín K, Alvarez E, Chávez Ontiveros J, Sánchez Peña P, Garzón Tiznado J, López Valenzuela J (2013). Microsatellite-based genetic diversity among accessions of maize landraces from Sinaloa in México. *Hereditas*. 150(4-6), 53-59.
- Poggio L, Rosato M, Chiavarino A, Naranjo A (1998). Genome size and environmental correlations in maize (*Zea mays ssp. mays*, Poaceae). *Annals of Botany*. 82: 107-115.
- Presello D, Ferrer M, Solari L, Céliz A (1996). Resistencia al virus del Mal de Río Cuarto en variedades locales argentinas de maíz. *RIA*. 27:19-26.
- Presello D, Reid L, Mather D (2004). Resistance of argentine maize germplasm to Giberella and Fusarium ear rots. *Maydica*. 49:73-81.
- Presello D; Iglesias J; Botta G; Reid L; Lori G, Eyherabide G (2006). Stability of maize resistance to the ear rots caused by *Fusarium graminearum* and *Fusarium verticillioides* in argentinian and canadian environments. *Euphytica*. 147: 403-407.
- Pressoir G, Berthaud J (2004). Patterns of population structure in maize landraces from the Central Valleys of Oaxaca in Mexico. *Heredity* 92: 88-94.
- Pritchard J, Stephens M, Donnelly P (2000). Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics*. 155: 945-959.
- Pritchard J (2010). Documentation for structure software: Version 2.3. pritchardlab.stanford.edu/structure_software/release_versions/v2.3.4/structure_doc.pdf
- Pritsch C (2001). El pre-mejoramiento y la utilización de los recursos fitogenéticos. Pp. 111-121. Estrategia en recursos fitogenéticos para los países del Cono Sur. PROCISUR, Montevideo, Uruguay.

- Qualset C, Shands H (2005). Safeguarding the Future of US.Agriculture: The Need to Conserve Threatened Collections of Crop Diversity Worldwide, 5.
- R Development Core Team: R: A language and environment for statistical computing. Vienna, Austria: R Foundation for Statistical Computing 2014. www.R-project.org.
- Ranere A, Piperno D, Holst I, Dickau R, Iriarte, J (2009). The cultural and chronological context of early Holocene maize and squash domestication in the Central Balsas River Valley, Mexico. *Proceedings of the National Academy of Sciences*.106(13), 5014-5018.
- Rayburn A (1990). Genome size variation in Southern United States Indian maize adapted to various altitudes. *Evolutionary Trends in Plants*. 4: 53-57.
- Rayburn A, Auger J (1990). Nuclear DNA content variation in the ancient indigenous races of Mexican maize. *Acta Botanica Neerlandica*. 39: 197-202.
- Reif J, Xia X, Melchinger A, Warburton M, Hoisington D, Beck D, Frisch M (2004). Genetic diversity determined within and among CIMMYT maize populations of tropical, subtropical, and temperate germplasm by *SSR* markers. *Crop Science*. 44(1), 326-334.
- Reif J, Hamrit S, Heckenberger, Schipprack W, Maurer H, Bohn M, Melchinger A (2005). Genetic structure and diversity of European flint maize populations determined with *SSR* analyses of individuals and bulks. *Theoretical and Applied Genetics*. 111(5), 906-913.
- Reif J, Warburton M, Xia X, Hoisington D, Crossa J, Taba S, Melchinger A (2006). Grouping of accessions of Mexican races of maize revisited with *SSR* markers. *Theoretical and Applied Genetics*. 113(2), 177-185.
- Rice W (1989). Analysing tables of statistical tests. *Evolution*. 43: 223-225.
- Rohlf F (1992). NTSYS-pc: Numerical taxonomy and multivariate analysis system. Applied Biostatistics.
- Rohlf F (2000). NTSYS-pc: Numerical taxonomy and multivariate analysis system. Version 2.1W. 189 p. Exeter Publications, New York, USA.
- Rosatto M, Chiavarino A, Naranjo C, Cámara Hernandez J, Poggio L (1998). Genome size and numerical polymorphism for the B chromosome in races of maize (*Zea mays* ssp. *mays*, Poaceae). *American Journal of Botany*. 85: 168-174.
- Saitou N, Nei M (1987). The neighbor-joining method: a new method for reconstructing phylogenetic trees. *Molecular Biology and Evolution*. 4: 406-425.
- Sambrook J, Fritschi E, Maniatis T (1989). *Molecular cloning: a laboratory manual*. Cold Spring Harbor Laboratory Press, New York.

- Sánchez G, Goodman M, Rawlings O (1993). Appropriate characters for racial classification in maize. *Economic Botany*. 47: 44-59
- Sánchez G, Stuber C, Goodman M (2000). Isozymatic diversity of the races of maize of the Americas. *Maydica*. 45: 185-203
- Sauthier M, Castaño F (2004). Dispersión del polen en un cultivo de maíz. *Ciencia, Docencia y Tecnología*, noviembre, 229-246.
- Schimpf J, Ghisolfi S, Simonetto M, Bianco G, Cazón L (1997). Libro de Resúmenes VIII Jornadas Nacionales de Extensión Rural. San Fernando del Valle de Catamarca, Argentina: 60-61.
- Schimpf J, Bianco G, Cazón L, Ghisolfi S, Simonetto M, Villatarco M, Rabaj N (2001). Libro de Resúmenes X Congreso Internacional de Cultivos Andinos. S.S. de Jujuy, Argentina: 6.
- Slatkin M. (1993). Isolation by distance in equilibrium and non-equilibrium populations. *Evolution*. 264-279.
- Slatkin M (1995). A measure of population subdivision based on microsatellite allele frequencies. *Genetics*. 139: 457-462.
- Smith J, Chin E, Shu H, Smith O, Wall S, Senior M, Ziegle J. (1997). An evaluation of the utility of SSR loci as molecular markers in maize (*Zea mays* L.): comparisons with data from RFLPs and pedigree. *Theoretical and Applied Genetics*. 95(1-2), 163-173.
- Smouse P, Peakall R, Gonzales E (2008). A heterogeneity test for fine-scale genetic structure. *Molecular Ecology*. 17, 3389-3400.
- SPSS.(2002). Statistical Package for the Social Sciences para Windows. Ver. 11.5.1. Chicago, USA.
- Tenaillon M, Charcosset A (2011). A European perspective on maize history. *Comptes rendus Biologies*. 334(3), 221-228.
- Thuillet A, Bru D, David J, Roumet P, Santoni S, Sourdille P, Bataillon T (2002). Direct estimation of mutation rate for 10 microsatellite loci in Durum wheat, *Triticum turgidum* (L.) Thell. *Ssp durum* desf. *Molecular and Biology Evolution*. 19(1): 122-125.
- Torregrosa M, Cámara Hernandez J, Solari L, Safont Lis J, Cavalieri O (1980). Clasificación preliminar de formas raciales de maíz y su distribución geográfica en la República Argentina, pp. 5-17 in II Congreso Nacional de Maíz, edited by A. D. I. A. D. L. Z. N. D. L. P. D. B. AIRES, Pergamino, Buenos Aires, Argentina.

- Van Oosterhout C, Hutchinson W, Wills D, Shipley P (2004). Micro-checker: software for identifying and correcting genotyping errors in microsatellite data. *Molecular Ecology*. 4:535–538.
- Van Oosterhout C, Weetman D, Hutchinson W (2006). Estimation and adjustment of microsatellite null alleles in nonequilibrium populations. *Molecular Ecology*. 6:255–256.
- Vavilov (1926). Studies on the origin of cultivated plants *Bulletin of Applied Botany. Genetics and Plant Breeding*. 16:1-248.
- Vigouroux Y, Glaubitz J, Matsuoka Y, Goodman M, Sánchez J, Doebley J (2008). Population structure and genetic diversity of new world maize races assessed by DNA microsatellites. *American Journal of Botany*. 95(10): 1240–1253.
- Warburton M., Xianchun X, Crossa J, Franco J, Melchinger A, Frisch M, Hoisington D (2002). Genetic characterization of CIMMYT inbred maize lines and open pollinated populations using large scale fingerprinting methods. *Crop Science*. 42(6), 1832-1840.
- Warburton M, Reif J, Frisch M, Bohn M, Bedoya C, Xia X, Melchinger A (2008). Genetic diversity in CIMMYT nontemperate maize germplasm: landraces, open pollinated varieties, and inbred lines. *Crop Science*. 48(2), 617-624.
- Weir B, Cockerham C (1984). Estimating F-statistics for the analysis of population structure. *Evolution*. 38: 1358-1370.
- Wellhausen E, Roberts L, Hernandez X, Mangelsdorf P (1952). Races of maize in Mexico. Their origin, characteristics and distribution. *Bussey Institution, Harvard University*. 223 pp.
- Wilkes H (1979). Mexico and Central America as a centre for the origin of agriculture and the evolution of maize. *Crop Improvement*. 6(1): 1-18.
- Wilkes H, Goodman M (1995). Mystery and missing links: the origin of maize. In S. Taba, ed. *Maize genetic resources*. p. 1-6. Mexico, DF, CIMMYT.
- Wright S (1951). The genetical structure of populations. *Annals of Eugenics*. 15: 323-354.
- Wright S (1965). The interpretation of population structure by F-statistics with special regard to systems of mating. *Evolution*. 19: 395-420.
- Wright S (1978). Variability within and among natural populations in *Evolution and the Genetics of Populations*. University of Chicago Press, Chicago.
- Zelener N (1998). Pautas de manejo del Banco Base y su relación con los Bancos Activos. Seminario: Los Recursos Fitogenéticos en la Argentina : 13–16. INTA Pergamino. 111pp.

Análisis morfológico

Descripción de los caracteres morfológicos analizados

Caracteres cuantitativos

1. Altura de la planta [ALTPL] (cm). Se mide desde el suelo hasta la base de la panoja.
2. Altura de la mazorca más alta [ALTMZ] (cm): Se mide desde el suelo hasta el nudo de la mazorca más alta.
3. Número total de hojas por planta [NH]
4. Número de hojas sobre la mazorca más alta [NHSMZ]: se incluye la hoja de la mazorca
5. Número de macollos[NM]: Número de macollos por planta
6. Largo de la hoja de la mazorca más alta [LH] (cm): Se mide desde la lígula hasta el ápice de la hoja que sobresale de la mazorca.
7. Ancho de la hoja [AH] (cm): Se mide sobre la hoja que se midió la longitud en su punto medio.
8. Índice de la nervadura [INER]: Se divide el número de venas en el centro de la hoja de la mazorca por el ancho de la hoja.
9. Longitud de la panoja [LP] (cm) (Figura 1).
10. Longitud del pedúnculo de la panoja [LPE] (cm) (Figura 1).
11. Longitud de la parte ramificada de la panoja [LR] (cm): Distancia entre la primera y la última rama primaria (Figura 1).
12. Número de ramificaciones primarias en la panoja [NR1] (Figura 1).
13. Número de ramificaciones secundarias en la panoja [NR2] (Figura 1).
14. Número de ramificaciones terciarias en la panoja [NR3] (Figura 1).
15. Índice de proliferación: Se divide el número total de mazorcas por el número total de plantas [IP].
16. Longitud del pedúnculo de la mazorca [LPEMZ] (cm).
17. Diámetro de la mazorca [DMZ]: Se mide en la parte central de la mazorca
18. Número de hileras de granos por mazorca: Contar las hileras de granos en la parte central de la mazorca más alta [NHG].
19. Número de granos por hilera [NGH]. Se cuenta en la mazorca más alta

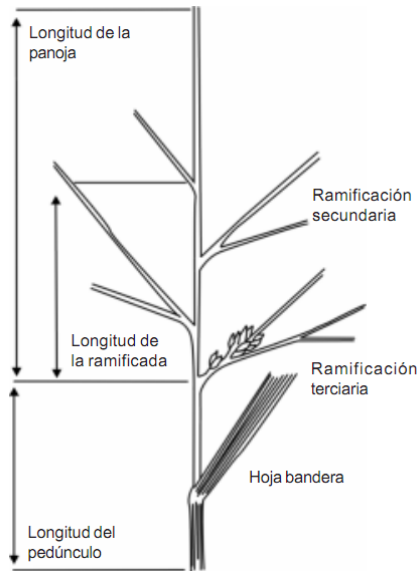


Figura 1. **Esquema de panoja.** Diferentes partes de la panoja cuantificadas.

Caracteres cualitativos

- Orientación de las hojas:

1 Erectas
 2 Colgantes
 3 Intermedia

- Presencia de la lígula foliar

1 Presente
 0 Ausente

- Pubescencia de la vaina foliar

3 Escasa
 5 Intermedia
 7 Densa

- Follaje: Medición de la superficie foliar total.

3 Pequeña
 5 Intermedia
 7 Grande

- Color del tallo: Indicar hasta tres colores del tallo ordenados por su frecuencia. Observados entre las dos mazorcas más altas.

- 1 Verde
- 2 Rojo sol
- 3 Rojo
- 4 Morado
- 5 Café
- 6 Púrpura

- Tipo de panoja

- 1 Primaria
- 2 Primaria-secundaria
- 3 Primaria-secundaria-terciaria

- Cobertura de la mazorca

- 3 Pobre
- 5 Intermedia
- 7 Buena

- Forma de la mazorca más alta

- 1 Cilíndrica
- 2 Cilíndrica-cónica
- 3 Cónica
- 4 Esférica

- Tamaño de la mazorca

- 3 Pequeña
- 5 Mediana
- 7 Grande

- Disposición de hileras de granos :se utiliza la mazorca más alta

- 1 Regular
- 2 Irregular
- 3 Recta
- 4 En espiral
- 5 Recto-espiral

- Tipo de grano: Indicar como máximo tres tipos de grano en orden de frecuencia

- 1 Harinoso
- 2 Semiharinoso (morocho), con una capa externa de endosperma duro

- 3 Dentado
- 4 Semidentado; entre dentado y cristalino, pero más parecido al dentado
- 5 Semicristalino; cristalino de capa suave
- 6 Cristalino
- 7 Reventador
- 8 Dulce
- 9 Opaco-2 (QPM: maíz con alta calidad de proteína)

- Color del grano: Indicar como máximo tres colores en orden de frecuencia

- 1 Blanco
- 2 Amarillo
- 3 Morado
- 4 Jaspeado
- 5 Café
- 6 Anaranjado
- 7 Moteado
- 8 Capa blanca
- 9 Rojo
- 11 Caramelo
- 12 Dorado
- 14 Moteado-Jaspeado

- Forma de la superficie del grano

- 1 Contraído
- 2 Dentado
- 3 Plano
- 4 Redondo
- 5 Puntigudo
- 6 Muy puntigudo

Protocolos

Protocolo 1. Desinfección superficial de semillas

Sumergir las semillas en lavados sucesivos de un minuto en etanol 70%, 1 minuto en lavandina 50%, un minuto en etanol 50% y dos lavados de dos minutos cada uno con H₂O bidestilada. Dejar secar.

Protocolo 2. Extracción de ADN-Método de Dellaporta *et al.*, (1983) con modificaciones menores

- Pulverizar 200 a 300 mg de material vegetal fresco en aire líquido.
- Transferir a microtubo conteniendo 500 µl de buffer de extracción (100 mM Tris, 50mM EDTA, 500 mM ClNa) y 35 µl de SDS 20% (p/v).
- Incubar durante 10 minutos a 65 °C con agitación.
- Agregar 175 µl de acetato de potasio 5 M pH 5,2.
- Precipitar en hielo durante 20 minutos.
- Centrifugar a 13.000 rpm durante 15 minutos.
- Transferir el sobrenadante a un microtubo limpio.
- Agregar 1 volumen de fenol-cloroformo-isoamílico (25:24:1). Mezclar suavemente por inversión.
- Centrifugar a 13.000 rpm durante 5 minutos.
- Transferir el sobrenadante a un microtubo limpio.
- Agregar 1/10 volumen de acetato de sodio pH 5,2 y 2 volúmenes de etanol absoluto.
- Precipitar a -20 °C durante 2-3 horas.
- Centrifugar a 13.000 rpm durante 10 minutos.
- Descartar el sobrenadante y agregar 1 ml de etanol 70% para el lavado.
- Centrifugar a 13.000 rpm durante 5 minutos y repetir el lavado.
- Descartar el sobrenadante y dejar secar.
- Resuspender en 100 µl de buffer TE (0,01M Tris, 1 mM EDTA pH 8)
- Agregar 2 µl de RNAsa A (10 mg/ml) e incubar a 37 °C durante una hora.
- Conservar a -20 °C.

Protocolo 3. Electroforesis capilar

Se empleó como estándar de peso molecular el compuesto *GeneScan 500 (-250) ROX* (6-carboxil-X-rodamina) que está constituido por un conjunto de fragmentos de tamaño conocido. (Applied Biosystems). Las muestras se prepararon con 10 µl de formamida (*HiDi Formamide*) como agente desnaturalizante y 0,4 µl de *GeneScan 500 (-250) ROX* por cada

placa de 384 pocillos. Se adicionaron 2 µl de muestra, previamente diluida para favorecer la correcta lectura evitando saturaciones en la señal, se centrifugó, se desnaturalizó a 94°C durante cinco minutos y se centrifugó nuevamente previo a la inyección de las muestras en el equipo.

Criterios para definir un alelo en base a las configuraciones detectadas mediante *Genemapper* 4.0:

1. Intensidad de fluorescencia: será considerado alelo cuando;
 - el valor mínimo del pico principal de la configuración sea de 100 unidades de fluorescencia.
 - si existiesen dos configuraciones, para determinar si el genotipo del individuo es heterocigota, la fluorescencia del pico principal de la segunda configuración deberá ser como mínimo un tercio de la fluorescencia del pico principal de la primera (el de mayor intensidad).
 - si el pico de una configuración excede los límites de sensibilidad de fluorescencia (a partir de 7000 unidades de fluorescencia), pueden generarse errores de lectura debido a que el pico principal se desdobra originando picos solapados.
2. Forma alélica: deberá ser constante para todas las muestras analizadas, a fin de asegurar la especificidad del alelo detectado.
3. Asignación del tamaño alélico: se consideró que todos los picos ubicados dentro de un rango de +/-0,5 unidades (medidas en bases del ADN) corresponderían al mismo alelo. Ej. A1 = 150 pb, su rango iría desde 149,5 a 150,5 pb.

Figura del electroferograma visualizado mediante *Genemapper*. En este caso el genotipo corresponde a un individuo heterocigota, en donde se observa la morfología conservada de las configuraciones y sus picos correspondientes a distintos alelos.

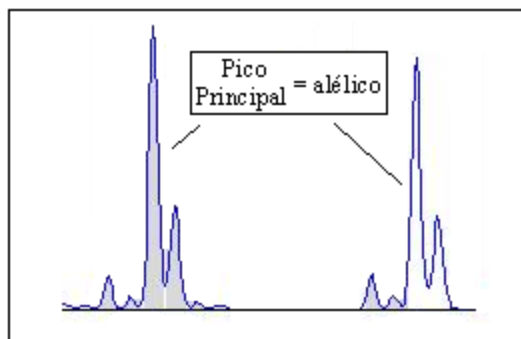


Tabla de valores de caracteres morfológicos cuantitativos por entrada

Tabla A1. Caracteres cuantitativos. Valores medios de los 19 caracteres cuantitativos para las 30 poblaciones analizadas

	AM_1		AM_2		C_1		C_2		P_1		P_2		Pe_1		Pe_2		DB_1		DB_2	
	M	DE	M	DE	M	DE	M	DE	M	DE	M	DE	M	DE	M	DE	M	DE	M	DE
ALTPL	172,60	23,91	164,80	13,51	176,00	15,51	162,20	13,81	162,40	17,63	117,10	16,65	128,10	12,79	124,40	8,87	211,80	20,36	169,10	17,50
ALTMZ	92,80	27,14	83,20	20,12	89,50	15,48	82,40	9,82	84,70	15,86	42,70	11,05	53,00	8,63	44,50	12,05	117,80	15,81	89,90	14,26
NHSMZ	5,80	0,63	6,00	0,47	6,00	0,67	5,90	0,57	5,50	0,53	5,40	0,52	5,20	0,42	5,00	0,67	7,50	0,71	6,10	0,99
NM	0,50	1,08	0,70	1,06	0,50	1,08	1,60	1,51	1,60	0,97	0,60	0,97	1,80	0,63	0,40	0,97	1,80	0,79	0,30	0,67
NH	13,80	2,15	12,90	1,45	13,70	1,06	13,40	0,84	24,90	40,47	9,50	0,85	10,10	0,57	8,90	0,57	16,70	1,06	13,70	1,06
LH	72,70	10,32	68,70	5,85	60,60	14,14	68,90	6,69	66,75	12,91	55,40	8,92	62,35	6,67	54,90	5,70	80,40	6,70	72,25	4,27
AH	9,85	0,78	8,85	1,16	8,60	1,29	8,95	1,09	10,20	1,32	8,40	1,49	8,80	0,86	8,20	0,82	10,50	1,00	9,35	1,06
INER	2,45	0,24	2,76	0,35	2,84	0,47	2,75	0,22	2,39	0,33	2,59	0,37	2,48	0,21	2,55	0,23	2,57	0,18	3,06	0,47
LP	39,45	5,31	37,50	2,76	34,45	4,65	34,20	4,82	38,56	5,51	31,95	3,13	31,65	4,58	28,20	4,12	37,30	6,07	-	-
LPE	19,60	5,42	17,75	3,05	21,26	5,25	19,56	4,30	15,06	3,08	21,55	3,79	19,60	3,53	23,75	5,12	16,40	3,37	-	-
LR	14,40	2,22	15,10	3,38	14,80	1,92	13,60	2,21	12,19	2,33	10,05	4,61	9,85	2,71	6,83	3,14	15,90	3,63	-	-
NR1	16,10	3,57	18,20	5,43	17,80	2,44	17,20	4,57	18,63	3,85	14,50	3,63	17,80	3,71	12,10	2,18	17,10	2,47	-	-
NR2	7,40	3,34	6,90	4,89	7,10	1,73	8,40	2,84	5,60	3,81	5,89	2,71	2,00	1,05	0,80	1,40	7,90	2,38	-	-
NR3	0,00	0,00	0,10	0,32	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,60	1,58	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	-	-
LPEMZ	6,70	1,77	6,40	2,27	8,90	3,96	8,60	2,94	11,00	4,06	10,95	4,15	8,50	3,32	7,15	2,79	10,60	6,17	-	-
IP	2,70	0,67	2,60	0,70	2,30	0,48	2,90	0,88	2,90	0,99	2,20	0,63	2,20	0,42	2,00	0,82	2,30	0,67	2,67	1,12
NHG	12,2	-	13,8	-	11,8	-	10,2	-	14,3	-	13,6	-	11	-	15	-	14	-	10,9	-
DMZ	4	-	3,9	-	4	-	3,6	-	3,7	-	3,8	-	3,6	-	3,7	-	4,5	-	4,2	-
NGH	32,60	-	36,70	-	35,70	-	38,20	-	36,70	-	26,10	-	23,40	-	27,60	-	30,7	-	34,1	-

Tabla A1 continuación. Caracteres cuantitativos. Valores medios de los 19 caracteres cuantitativos para las 30 poblaciones analizadas

	A8H_1		A8H_2		CaB_2		DA_2		DA_1		CaV_2		CaV_1		CrA_1		CrA_2		B8H_1	
	M	DE	M	DE	M	DE	M	DE	M	DE	M	DE	M	DE	M	DE	M	DE	M	DE
ALTPL	136,40	14,49	165,05	17,61	180,90	12,58	168,70	20,81	180,20	17,99	161,40	8,29	164,29	21,51	173,60	24,40	166,80	25,23	171,10	20,43
ALTMZ	60,50	15,33	82,30	22,97	89,20	11,89	81,60	18,03	90,90	21,13	81,40	11,65	82,43	12,79	85,30	7,45	85,90	12,10	79,50	10,94
NHSMZ	5,90	0,74	6,00	0,94	5,70	0,48	6,50	0,53	5,90	0,57	5,90	1,20	5,86	0,38	6,00	1,15	6,10	0,88	6,20	0,63
NM	1,00	0,94	1,00	1,25	0,30	0,48	0,70	0,95	0,60	0,84	0,30	0,67	0,00	0,00	2,30	1,42	0,90	1,20	0,80	0,92
NH	11,80	1,62	12,90	1,85	11,70	1,57	12,40	1,78	13,30	1,42	11,90	0,88	11,14	1,46	13,50	1,27	12,10	1,29	12,50	1,27
LH	67,70	5,87	72,50	8,49	72,50	7,25	66,50	7,89	75,10	7,32	65,10	7,58	74,00	9,09	68,00	7,18	67,80	8,83	67,50	6,35
AH	9,70	1,38	9,25	1,46	9,70	2,45	8,45	0,64	8,75	1,86	9,70	2,19	10,57	0,98	8,65	3,26	9,75	1,74	9,50	1,20
INER	2,52	0,38	2,63	0,53	1,61	0,53	3,13	0,29	3,04	0,70	1,86	0,68	2,25	0,14	2,15	1,09	2,32	0,89	2,71	0,37
LP	33,50	6,69	39,33	8,03	35,00	4,29	38,15	4,77	39,25	5,22	34,20	6,32	34,43	5,35	37,15	5,14	40,75	3,58	34,80	4,89
LPE	17,15	2,85	15,00	6,54	23,40	4,95	18,10	6,31	16,25	4,06	23,00	5,02	21,50	4,94	18,50	2,85	20,69	4,45	17,90	4,46
LR	12,22	3,63	12,40	2,94	13,65	2,11	14,10	3,35	15,61	3,84	15,78	3,27	15,14	2,25	14,25	2,52	18,55	3,40	12,76	2,12
NR1	14,60	3,63	12,89	3,26	13,20	1,87	18,00	4,40	16,56	2,92	16,78	1,86	15,71	4,46	18,00	3,06	22,40	2,72	15,20	2,97
NR2	5,60	2,07	3,70	3,09	9,40	3,50	6,20	3,05	6,38	6,35	8,11	3,18	8,43	2,99	6,10	2,92	8,50	3,47	5,40	2,07
NR3	0,00	0,00	0,00	0,00	0,70	2,21	0,00	0,00	0,60	1,90	0,00	0,00	0,57	1,51	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
LPEMZ	8,20	1,48	8,36	3,28	7,90	2,32	11,15	1,94	7,40	2,07	7,15	2,75	7,86	2,73	9,50	3,30	10,80	3,79	8,50	3,47
IP	2,20	1,03	2,20	0,63	2,90	2,02	2,40	0,70	2,20	0,63	3,10	1,29	3,00	1,00	3,00	1,15	3,60	1,84	2,00	0,67
NHG	8,9	-	9,8	-	12,1	-	10,4	-	10,4	-	12,1	-	12,1	-	11,2	-	12,4	-	8,3	-
DMZ	3,8	-	4,1	-	4	-	3,9	-	4,7	-	4	-	3,8	-	3,5	-	4	-	3,9	-
NGH	32,8	-	27,7	-	30,6	-	33,7	-	35,9	-	31,6	-	30,6	-	31	-	30,8	-	32,1	-

Tabla A1 continuación. Caracteres cuantitativos. Valores medios de los 19 caracteres cuantitativos para las 30 poblaciones analizadas

	B8H_2		M_2		CaG_1		CaG_2		Pi_1		Pi_2		Cuz_1		Cu_2		Cu_1		Ch_1	
	M	DE	M	DE	M	DE	M	DE	M	DE	M	DE	M	DE	M	DE	M	DE	M	DE
ALTPL	149,43	18,14	124,7	15,43	173,75	10,35	170,7	18,86	131,2	21,49	152,9	12,86	196,79	5,87	187,6	26,47	168,3	14,01	183,7	13,17
ALTMZ	72,29	16,71	47,6	9,23	91,88	11,37	102,1	12,73	51	8,35	86,1	13,72	98,14	8,9	98,1	20,53	78	12,92	112,5	11,98
NHSMZ	6,29	0,76	5,1	0,74	5,88	0,35	6,5	0,53	5,8	1,14	5,9	0,57	7,29	0,76	6	0,67	6,5	0,71	6	0
NM	1	0,58	1,4	1,07	1,59	0,83	0,4	0,7	2	0,94	0	0	0	0	0,8	1,03	0,2	0,42	0	0
NH	13,43	1,51	9,8	1,23	13,88	1,36	13,1	1,1	10,4	1,26	11,8	0,42	13,86	0,9	11,6	0,97	11,7	1,25	13,2	1,4
LH	52,57	12,62	61,6	7,46	71,75	5,95	66,6	10,13	64,71	5,79	46,2	8,16	74,57	6,43	70,6	5,8	65	6,39	54,4	6,77
AH	9,14	1,77	9,25	1,6	10,06	0,98	9	1,05	8	0,53	7,7	0,67	9,93	0,67	10,45	1,14	10,2	1,53	8,4	1,29
INER	2,62	0,43	2,19	0,3	2,42	0,22	2,68	0,24	2,79	0,5	2,36	0,26	2,19	0,17	2,54	0,29	2,41	0,56	2,7	0,17
LP	33,21	4,94	29,65	3,54	36,19	3,7	36,5	5,02	29,64	4,17	28,1	4,01	44,43	5,97	40,8	4,24	65,3	6,2	34,6	2,07
LPE	15,64	5,48	23,8	2,58	18,31	2,94	18,65	7,8	18,5	2,66	16,5	3,1	20,29	3,55	23,3	3,76	20,3	7,97	17,1	1,91
LR	14	3,93	9,35	2,44	13,69	2,12	15,9	1,91	8,67	2,16	12,9	3,07	20,07	2,95	15,7	2,79	12,9	3,08	15,6	1,78
NR1	18,71	3,04	9,6	2,59	16	3,16	21,9	4,09	14,57	3,05	16,8	3,61	15,71	2,93	19,4	4,99	17,2	4,44	21,5	3,31
NR2	5,29	3,35	3,2	2,2	5,5	3,16	10,2	2,94	1,63	1,19	7	3,77	7,29	3,04	10,3	3,53	10	5,91	16,2	2,3
NR3	0,14	0,38	0	0	0,38	0,74	0,4	0,97	0,5	0,85	0	0	0,43	1,13	0,2	0,42	0,5	1,08	1,8	1,69
LPEMZ	7,29	2,38	9,2	3,16	8,58	5,12	7,65	1,86	7,69	3,51	6,4	2,17	7,07	2,05	11,6	5,08	13,75	6,71	7,15	2,17
IP	2,71	0,76	2,3	0,82	3	1,2	2,4	1,07	2,78	0,67	2	0,82	2,14	0,38	2,8	0,63	3	1,41	2	0,67
NHG	10,3	-	12,9	-	11,7	-	12,4	-	16,3	-	16,6	-	9,7	-	12,1	-	11,2	-	14,3	-
DMZ	4,2	-	3,7	-	4,4	-	4	-	3,8	-	4,1	-	4,7	-	4,1	-	4,4	-	4,1	-
NGH	32,3	-	20,4	-	28,5	-	30,6	-	30	-	25,4	-	27,4	-	30,9	-	31,5	-	24,8	-

Tabla de valores de caracteres morfológicos cualitativos por entrada

Tabla A2. Caracteres cualitativos. Moda para los 13 caracteres cualitativos para las 30 poblaciones. 999= dato faltante.

	Follaje	Color Tallo	Pub. Vaina	Tipo espiga	Cober espiga	Orient hoja	ligula	Tam.MZ	Disp.hil.gr	Tipo de g.	Color gr.	Form.MZ	F.sup gr.
AM_1	5	1	5	2	7	3	1	5	1	1	2	2	4
AM_2	5	6	5	2	7	3	1	5	1	1	2	2	4
C_1	5	1	5	2	7	3	1	5	1	6	1	2	4
C_2	7	6	5	2	7	3	1	5	1	6	1	1	4
P_1	5	1	3	2	7	3	1	5	1	6	1	2	4
P_2	3	6	5	2	7	3	1	7	1	6	1	2	4
Pe_1	3	6	5	1	7	2	1	5	1	5	2	2	2
Pe_2	5	6	5	2	7	3	1	5	1	6	1	2	4
DB_1	7	6	5	2	7	1	1	7	1	3	1	2	2
DB_2	5	6	5	2	7	3	1	999	1	4	1	2	2
ASH_1	5	6	5	2	7	3	1	5	1	1	6	2	4
ASH_2	5	6	5	2	7	2	1	5	1	1	2	2	4
CaB_2	5	1	5	2	5	2	1	7	999	1	1	2	999
DA_1	5	1	3	2	7	3	1	7	1	3	6	2	2
DA_2	7	6	5	2	7	3	1	5	1	3	6	2	2
CaV_1	5	6	5	2	7	3	1	5	1	3	2	2	2
CaV_2	5	1	3	2	7	2	1	5	1	3	2	2	2
CrA_1	7	1	5	2	7	1	1	5	1	6	12	2	4
CrA_2	7	6	5	2	7	3	1	5	1	6	12	2	4
B8H_1	5	6	5	2	7	3	1	5	1	1	2	2	2
B8H_2	5	6	3	2	7	3	1	5	1	6	2	2	4
M_2	5	6	3	2	7	3	1	3	1	6	1	2	2
CaG_1	7	1	5	2	7	3	1	5	1	1	14	3	4
CaG_2	5	6	5	2	7	3	1	5	1	6	10	2	4
Pi_1	5	6	5	2	7	3	1	3	1	6	1	2	6
Pi_2	3	6	3	2	7	2	1	5	1	6	1	2	6
Cuz_1	5	6	3	2	7	2	1	7	1	1	1	2	4
Cu_1	5	1	5	2	7	3	1	5	1	1	3	2	5
Cu_2	5	6	3	2	7	3	1	5	1	6	3	2	4
Ch_1	5	6	3	3	7	2	1	5	5	8	11	1	1

Tabla de distancia euclidea consenso entre caracteres morfológicos cuantitativos y cualitativos

Tabla A3. Distancia euclidea consenso morfológico entre 30 entradas de maíces de los Valles.

	AM_1	AM_2	C_1	C_2	P_1	P_2	Pe_1	Pe_2	DB_1	DB_2	A8H_1	A8H_2	CaB_2	DA_1	DA_2	CaV_1	CaV_2	CrA_1	CrA_2	B8H_1	B8H_2	M_2	CaG_1	CaG_2	Pi_1	Pi_2	Cuz_1	Cu_1	Cu_2	Ch_1		
AM_1	0.00																															
AM_2	0.10	0.00																														
C_1	0.08	0.03	0.00																													
C_2	0.29	0.19	0.22	0.00																												
P_1	0.14	0.06	0.06	0.18	0.00																											
P_2	0.51	0.42	0.45	0.23	0.41	0.00																										
Pe_1	0.34	0.24	0.26	0.10	0.21	0.24	0.00																									
Pe_2	0.37	0.28	0.31	0.11	0.28	0.15	0.17	0.00																								
DB_1	0.30	0.29	0.27	0.39	0.25	0.36	0.50	0.00																								
DB_2	0.27	0.27	0.24	0.39	0.23	0.61	0.37	0.49	0.05	0.00																						
A8H_1	0.13	0.03	0.06	0.16	0.06	0.39	0.22	0.25	0.30	0.28	0.00																					
A8H_2	0.19	0.09	0.12	0.10	0.10	0.33	0.17	0.19	0.34	0.32	0.06	0.00																				
CaB_2	0.13	0.18	0.15	0.36	0.18	0.59	0.38	0.46	0.20	0.16	0.21	0.27	0.00																			
DA_1	0.22	0.20	0.18	0.31	0.15	0.52	0.29	0.41	0.09	0.08	0.21	0.25	0.15	0.00																		
DA_2	0.21	0.13	0.13	0.18	0.07	0.40	0.17	0.29	0.21	0.21	0.12	0.13	0.22	0.13	0.00																	
CaV_1	0.19	0.12	0.11	0.20	0.06	0.42	0.20	0.30	0.20	0.19	0.12	0.14	0.19	0.11	0.02	0.00																
CaV_2	0.23	0.22	0.20	0.35	0.19	0.57	0.33	0.46	0.07	0.04	0.24	0.28	0.13	0.05	0.17	0.15	0.00															
CrA_1	0.15	0.06	0.09	0.14	0.08	0.36	0.21	0.22	0.33	0.31	0.03	0.04	0.24	0.24	0.14	0.14	0.27	0.00														
CrA_2	0.23	0.13	0.15	0.07	0.12	0.30	0.14	0.16	0.35	0.34	0.10	0.04	0.30	0.26	0.13	0.15	0.30	0.08	0.00													
B8H_1	0.14	0.12	0.10	0.28	0.10	0.50	0.29	0.38	0.17	0.14	0.14	0.19	0.10	0.09	0.12	0.09	0.10	0.17	0.21	0.00												
B8H_2	0.24	0.14	0.16	0.09	0.10	0.32	0.11	0.20	0.30	0.30	0.11	0.08	0.28	0.21	0.09	0.11	0.26	0.10	0.06	0.19	0.00											
M_2	0.43	0.33	0.35	0.15	0.30	0.17	0.10	0.16	0.45	0.46	0.30	0.24	0.48	0.38	0.27	0.29	0.43	0.28	0.21	0.38	0.20	0.00										
CaG_1	0.05	0.08	0.08	0.25	0.13	0.47	0.32	0.33	0.34	0.30	0.10	0.15	0.18	0.25	0.20	0.19	0.26	0.11	0.19	0.16	0.21	0.40	0.00									
CaG_2	0.17	0.09	0.10	0.18	0.04	0.41	0.19	0.28	0.23	0.21	0.09	0.11	0.20	0.13	0.03	0.03	0.17	0.11	0.12	0.10	0.09	0.28	0.17	0.00								
Pi_1	0.40	0.30	0.33	0.11	0.29	0.14	0.10	0.10	0.46	0.47	0.27	0.21	0.47	0.39	0.26	0.29	0.43	0.25	0.18	0.37	0.18	0.06	0.36	0.27	0.00							
Pi_2	0.34	0.29	0.28	0.34	0.24	0.52	0.28	0.44	0.11	0.14	0.30	0.31	0.27	0.12	0.18	0.18	0.14	0.31	0.31	0.20	0.25	0.36	0.36	0.20	0.39	0.00						
Cuz_1	0.22	0.19	0.17	0.29	0.14	0.51	0.27	0.40	0.11	0.10	0.20	0.23	0.16	0.01	0.11	0.09	0.06	0.22	0.24	0.08	0.20	0.37	0.24	0.12	0.37	0.12	0.00					
Cu_1	0.09	0.03	0.05	0.20	0.09	0.42	0.26	0.28	0.32	0.29	0.04	0.10	0.19	0.22	0.16	0.15	0.25	0.06	0.14	0.15	0.16	0.34	0.05	0.12	0.31	0.32	0.21	0.00				
Cu_2	0.25	0.15	0.17	0.12	0.11	0.33	0.11	0.23	0.27	0.27	0.13	0.11	0.28	0.19	0.07	0.09	0.24	0.13	0.09	0.18	0.04	0.20	0.23	0.08	0.20	0.22	0.18	0.18	0.00			
Ch_1	0.41	0.42	0.39	0.53	0.38	0.74	0.49	0.64	0.14	0.15	0.43	0.47	0.28	0.23	0.35	0.34	0.19	0.46	0.48	0.29	0.44	0.58	0.45	0.36	0.60	0.22	0.24	0.44	0.41	0.00		

Tabla de diversidad genética para 40 entradas de maíz pertenecientes a los Valles y 22 SSR

Tabla A4. **Diversidad genética en razas nativas de maíz del Noroeste Argentino.** Rango alélico: tamaños extremos de los alelos encontrados en pares de bases. A: número de alelos, entre paréntesis se indica el número de alelos exclusivos para cada material. Rs: riqueza alélica poblacional en base a 7 individuos diploides. He: heterocigosis esperada.

Población	Locus																				Media	desvio		
	Bnl1	Bnl2	Bnl3	Bnl4	Bnl5	Phi	Bnl6	Bnl7	Bnl8	Bnl9	Bnl10	Bnl11	Bnl12	Bnl13	Bnl14	Bnl15	Bnl16	Bnl17	Bnl18	Bnl19			Bnl20	
A.Moroti/09020																								
Rango	165-200	169-184	139-152	112-167	106-123	160-167	122-167	85-87	232-241	108-131	235-263	147-158	157-202	141-160	95-96	170-187	99-178	106-168	142-154	74	149-281	110-116		
A(1)	9	8	5	5	7	4	6	2	4	4	8	3	18	5	2	7	8	5	3	1	8	3	5,682	3,578
He	0,926	0,874	0,738	0,698	0,795	0,590	0,786	0,071	0,679	0,725	0,715	0,475	0,961	0,776	0,525	0,816	0,833	0,705	0,407	0	0,819	0,595	0,660	0,245
Rs	7,956	6,753	4,417	4,260	5,253	3,348	4,870	NA	3,691	3,499	5,511	2,687	10,945	4,578	NA	5,838	5,968	4,250	2,492	NA	NA	2,724	4,947	2,090
A.Moroti/08025																								
Rango	163-204	169-184	146-152	106-167	106-123	160-169	122-133	83-101	232-243	108-127	222-251	147-159	163-209	143-153	95-98	168-189	99-176	109-155	140-154	72-74	134-191	106-124		
A(2)	7	5	2	6	7	4	5	4	7	10	9	6	20	4	3	7	7	10	4	2	8	5	6,318	3,789
He	0,764	0,725	0,505	0,757	0,812	0,648	0,740	0,563	0,835	0,846	0,797	0,735	0,962	0,731	0,525	0,696	0,841	0,864	0,688	0,133	0,604	0,594	0,698	0,172
Rs	5,742	4,248	2,000	4,643	5,510	3,394	4,550	NA	5,960	6,012	6,277	5,003	11,297	3,830	NA	5,232	5,844	7,035	3,427	NA	NA	4,001	5,223	1,961
Calchaqui/08068																								
Rango	167-198	169-181	144-152	117-167	109-127	160-169	122-152	83-99	232-236	106-135	231-258	149-157	145-206	143-160	95-98	178-197	99-176	106-163	140-157	74-97	134-195	106-118		
A(0)	6	4	5	4	8	5	5	5	2	4	5	4	20	5	4	5	10	10	5	3	10	6	6,136	3,783
He	0,800	0,590	0,663	0,776	0,835	0,773	0,800	0,753	0,518	0,659	0,790	0,617	0,973	0,727	0,674	0,806	0,881	0,918	0,515	0,423	0,819	0,813	0,733	0,137
Rs	5,362	3,647	4,053	3,964	6,813	4,679	4,621	NA	2,000	3,515	4,639	3,522	11,463	4,207	NA	4,738	7,324	8,134	4,037	NA	NA	5,199	5,107	2,162
Calchaqui/08116																								
Rango	163-196	169-195	146-154	112-154	109-129	160-173	128-155	83-95	232-241	108-137	226-245	147-159	130-208	141-160	95-101	172-189	99-167	109-153	140-154	72-99	129-195	104-120		
A(1)	10	5	4	7	10	6	7	5	4	6	5	6	19	6	5	9	9	12	4	5	10	6	6,136	3,480
He	0,848	0,390	0,654	0,731	0,852	0,725	0,752	0,554	0,702	0,837	0,538	0,777	0,954	0,723	0,752	0,817	0,723	0,913	0,671	0,640	0,888	0,750	0,799	0,131
Rs	6,966	3,402	3,389	4,848	7,371	4,906	5,307	NA	3,526	5,631	3,557	4,957	10,724	4,481	NA	5,998	5,869	8,710	3,452	NA	NA	4,768	5,437	1,985
Perla/10082																								
Rango	163-196	165-181	144-154	115-167	106-127	160-173	119-155	83-99	230-249	108-143	212-255	145-162	134-206	141-160	93-100	176-193	99-174	106-146	140-154	72-99	134-216	106-122		
A(2)	15	7	5	8	8	6	7	6	8	8	12	7	20	7	7	13	10	3	5	13	7	7,273	3,863	
He	0,940	0,635	0,727	0,671	0,848	0,799	0,798	0,783	0,849	0,721	0,915	0,790	0,965	0,755	0,719	0,821	0,931	0,920	0,598	0,615	0,926	0,856	0,799	0,110
Rs	9,807	5,008	4,118	5,386	6,309	5,159	5,703	NA	6,181	5,022	8,280	5,520	11,082	5,422	NA	5,981	9,031	7,931	2,835	NA	NA	6,080	6,381	2,075
Perla/09298																								
Rango	167-188	169-189	145-152	112-167	106-127	160-169	122-130	85-103	232-239	106-133	233-255	149-154	163-204	144-156	93-105	170-193	99-171	106-137	140-154	74	134-193	104-122		
A(2)	4	4	4	4	7	4	2	4	4	6	8	3	16	3	6	8	13	8	3	1	12	8	8,591	3,767
He	0,700	0,588	0,735	0,662	0,833	0,679	0,483	0,531	0,689	0,807	0,824	0,615	0,952	0,677	0,786	0,846	0,923	0,865	0,667	0	0,940	0,804	0,709	0,204
Rs	3,693	3,395	3,921	3,697	5,766	3,480	2,000	NA	3,900	5,348	5,973	2,915	10,102	2,998	NA	6,089	8,919	6,177	2,995	NA	NA	5,750	4,840	2,139
Perla/09265																								
Rango	167-192	163-173	144-154	114-167	106-127	167-169	122-130	85-91	234-245	108-113	212-261	151-157	130-206	144-153	95-105	174-183	122-178	109-163	140-150	74-79	160-193	110-118		
A(0)	10	4	5	5	7	2	3	4	3	4	10	4	19	3	4	4	9	13	2	2	11	5	6,000	4,293
He	0,886	0,434	0,750	0,632	0,794	0,147	0,376	0,621	0,458	0,549	0,838	0,524	0,963	0,454	0,679	0,628	0,824	0,932	0,350	0,248	0,907	0,804	0,627	0,233
Rs	7,558	3,210	4,505	3,909	5,250	1,797	2,778	NA	2,777	3,734	6,906	3,315	10,834	2,682	NA	3,839	6,747	9,405	1,991	NA	NA	4,661	4,772	2,554
Perla/09220																								
Rango	161-188	163-173	146-152	117-170	104-129	160-169	114-159	85-94	234-239	104-131	214-253	147-157	138-200	144-156	94-105	170-189	101-167	106-137	140-154	74	128-201	108-126		
A(3)	7	4	3	7	9	5	8	4	3	6	6	4	19	4	6	9	11	8	3	1	9	7	6,045	3,751
He	0,808	0,560	0,402	0,754	0,807	0,517	0,781	0,623	0,460	0,660	0,783	0,652	0,975	0,577	0,769	0,879	0,914	0,856	0,365	NA	0,898	0,844	0,709	0,176
Rs	5,392	3,269	2,428	4,918	6,024	3,778	5,783	NA	2,464	4,398	5,008	3,435	11,110	3,129	NA	7,345	8,000	6,384	2,417	NA	NA	5,905	5,066	2,260
D.Blanco/10083																								
Rango	163-198	169-181	144-152	112-170	103-127	167-169	122-150	81-99	230-243	108-135	212-247	145-159	130-208	140-160	93-105	174-197	99-176	111-159	140-157	72-99	129-197	106-120		
A(3)	16	7	4	9	7	2	8	6	5	8	9	7	19	7	7	7	10	12	6	6	12	7	6,500	3,791
He	0,940	0,720	0,679	0,843	0,835	0,147	0,790	0,777	0,799	0,850	0,852	0,740	0,969	0,798	0,824	0,829	0,897	0,920	0,798	0,507	0,926	0,874	0,787	0,174
Rs	9,814	5,257	3,417	6,708	5,923	1,797	5,813	NA	4,672	6,185	6,870	5,486	11,110	5,697	NA	5,740	7,614	8,758	5,030	NA	NA	6,264	6,231	2,160
D.Blanco/09404																								
Rango	165-200	169-177	146-152	112-167	103-127	160-169	114-157	83-89	232-243	106-135	226-251	143-157	130-202	141-160	95-100	170-187	99-163	106-142	140-154	72-101	134-195	106-118		
A(1)	14	4	3	11	8	5	6	4	5	8	8	4	15	10	5	8	7	10	3	6	10	7	8,227	3,315
He	0,910	0,608	0,662	0,915	0,852	0,769	0,745	0,612	0,713	0,724	0,846	0,573	0,953	0,894	0,676	0,823	0,728	0,872	0,613	0,660	0,898	0,823	0,767	0,117
Rs	9,143	3,273	2,994	8,286	6,253	4,570	5,079	NA	4,188	5,715	6,214	3,374	9,896	7,475	NA	6,465	4,951	7,338	2,915	NA	NA	5,948	5,782	2,086
Amarillo 8H.09178																								
Rango	163-200	169-181	144-163	112-167	121-131	160-175	122-151	81-91	232-240	108-135	212-261	149-157	155-200	140-160	93-99	174-189	99-178	106-168	135-154	72-102	134-193	104-124		
A(2)	11	6	7	9	6	7	5	6	6	7	10	5	17	7	6	7	9	17	4	4	10	9	7,318	3,498
He	0,907	0,652	0,829	0,783	0,836	0,790	0,657	0,815	0,814	0,560	0,913	0,771	0,963	0,734	0,675	0,704	0,873	0,944	0,610	0,383	0,879	0,819	0,769	0,139
Rs	8,123	4,560	5,887	5,917	5,585	5,461	3,795	NA	5,156	4,399	8,117	4,417	10,523	5,618	NA	5,581	6,763	10,015	3,328	NA	NA	6,221	6,081	1,981

Tabla A4 continuación. **Diversidad genética en razas nativas de maíz del Noroeste Argentino.** Rango alélico: tamaños extremos de los alelos encontrados en pares de bases. A: número de alelos, entre paréntesis se indica el número de alelos exclusivos para cada material. Rs: riqueza alélica poblacional en base a 7 individuos. He: heterocigosis esperada.

Población	Locus																						Phi	Bnlg	Bnlg	Bnlg	Bnlg	Phi	Bnlg	Bnlg	Bnlg	Bnlg	Bnlg	Bnlg	Bnlg	Bnlg	Bnlg	Bnlg	Bnlg	Phi	Bnlg	Bnlg	Bnlg	Media	desvio
	1017	1209	1287	1740	1866	119	1018	1329	2132	1108	1070	252	244	1014	1732	149	1917	1360	72	1182	1194	1526																							
Amarillo 8H/09213	Rango	155-194	169-175	145-155	114-170	119-131	162-171	122-133	85-91	234-247	106-113	212-258	149-157	140-208	144-151	93-98	170-189	99-180	108-159	136-150	74	126-189	108-122																						
A(1)	15	4	6	8	7	5	5	4	8	4	10	5	14	3	6	10	14	15	3	1	16	6	7,955	4,508																					
He	0.915	0.685	0.669	0.725	0.840	0.673	0.602	0.362	0.835	0.710	0.901	0.713	0.934	0.540	0.793	0.890	0.958	0.929	0.327	0	0.936	0.758	0,672	0,237																					
Rs	9.156	3.750	4.514	5.621	5.894	4.042	3.955	NA	6.063	3.846	7.851	4.353	9.369	2.437	NA	7.357	9.975	9.318	2.395	NA	NA	4.918	5,823	2,455																					
C.Blanco/09283	Rango	165-198	169-173	146-154	118-167	117-131	162-167	122-135	87-91	232-241	111-115	212-253	151-157	161-204	141-160	93-100	176-191	127-167	108-168	140-154	74	134-197	108-116																						
A(0)	8	3	3	3	5	3	5	3	6	3	7	4	16	7	8	7	9	8	3	1	10	5	7,682	3,337																					
He	0.845	0.624	0.558	0.701	0.705	0.551	0.698	0.349	0.845	0.596	0.827	0.750	0.959	0.624	0.853	0.800	0.904	0.860	0.298	0	0.890	0.543	0,672	0,230																					
Rs	6.612	2.967	2.797	2.998	4.399	2.538	3.874	NA	4.825	2.915	5.961	3.903	10.583	5.111	NA	5.749	7.651	6.470	2.454	NA	NA	3.789	4,755	2,136																					
C.Blanco/09291	Rango	167-192	169-175	145-161	114-170	117-131	162-169	122-132	87-91	234-239	106-135	212-255	143-157	163-208	144-153	89-98	174-193	133-169	113-148	140-154	74	155-193	106-118																						
A(1)	9	4	6	6	6	4	5	2	4	7	10	6	15	4	5	8	8	12	3	1	11	7	5,773	3,377																					
He	0.893	0.594	0.519	0.519	0.742	0.498	0.683	0.067	0.550	0.624	0.871	0.733	0.944	0.747	0.788	0.819	0.833	0.904	0.671	0	0.888	0.802	0,668	0,246																					
Rs	7.297	3.129	4.238	4.173	4.776	3.252	4.249	NA	3.665	4.920	7.259	4.664	9.595	3.881	NA	6.164	6.239	7.983	2.997	NA	NA	5.705	5,233	1,854																					
C.Amarillo/09377	Rango	165-200	169-175	144-154	115-167	119-131	162-173	122-152	83-89	230-245	108-135	212-261	149-157	153-208	140-160	95-98	172-191	99-180	117-139	140-154	74-95	134-189	106-122																						
A(0)	12	4	6	5	7	5	6	3	9	4	12	5	18	8	4	10	15	9	3	2	12	8	6,500	4,194																					
He	0.885	0.658	0.719	0.677	0.794	0.598	0.629	0.383	0.855	0.575	0.905	0.658	0.964	0.698	0.569	0.910	0.923	0.867	0.252	0.121	0.902	0.865	0,700	0,224																					
Rs	8.315	3.415	4.670	3.790	5.641	3.400	4.376	NA	6.495	3.650	8.233	4.077	10.826	5.489	NA	7.569	8.929	6.768	2.448	NA	NA	6.396	5,805	2,300																					
C.Amarillo/09378	Rango	165-198	169-175	145-158	122-167	117-131	160-171	122-151	85-97	234-241	106-113	212-263	149-157	138-208	141-156	89-98	170-193	99-176	113-157	140-154	72-95	162-193	106-126																						
A(1)	15	4	5	5	7	6	5	4	5	4	16	5	18	6	5	10	11	11	3	3	14	11	7,591	4,580																					
He	0.929	0.654	0.695	0.705	0.777	0.555	0.725	0.252	0.675	0.565	0.933	0.754	0.969	0.667	0.750	0.910	0.918	0.769	0.481	0.333	0.923	0.898	0,720	0,194																					
Rs	9.470	3.395	4.148	3.903	5.315	3.861	4.339	NA	3.964	3.374	9.777	4.330	10.927	4.398	NA	7.738	8.089	6.584	2.437	NA	NA	7.943	5,777	2,575																					
D.Amarillo/09402	Rango	169-200	169-175	146-152	115-170	103-131	160-175	122-133	81-91	232-243	108-143	231-251	151-157	167-204	140-160	93-98	168-187	99-174	106-168	140-155	72-102	129-195	104-126																						
A(1)	8	6	3	8	7	6	6	4	6	10	9	4	15	8	5	8	11	12	4	4	11	10	7,864	3,098																					
He	0.876	0.596	0.660	0.846	0.743	0.856	0.615	0.667	0.886	0.771	0.871	0.710	0.937	0.802	0.598	0.871	0.869	0.906	0.635	0.388	0.918	0.855	0,767	0,141																					
Rs	6.983	4.571	2.990	6.484	5.237	5.726	4.369	NA	5.787	6.474	6.933	3.793	9.756	5.920	NA	6.442	7.911	8.215	3.393	NA	NA	6.737	5,985	1,746																					
D.Amarillo/09381	Rango	163-198	163-175	146-154	112-167	103-131	160-169	122-153	83-89	230-241	106-113	212-261	149-157	140-208	144-153	93-105	170-195	99-178	115-146	140-154	74	153-195	108-120																						
A(0)	14	5	4	7	7	5	6	6	6	4	16	5	18	6	7	13	14	11	3	1	12	7	7,500	4,572																					
He	0.898	0.648	0.614	0.615	0.775	0.646	0.660	0.527	0.731	0.636	0.948	0.710	0.958	0.606	0.742	0.927	0.898	0.802	0.642	0	0.846	0.833	0,712	0,204																					
Rs	8.887	4.188	3.191	4.432	5.207	4.225	4.583	NA	4.522	3.656	10.119	3.865	10.642	3.750	NA	8.895	9.006	6.942	2.979	NA	NA	5.854	5,830	2,550																					
C.Variegado/09264	Rango	165-198	163-175	144-154	115-167	106-125	160-167	122-148	87-89	232-239	111-135	212-263	149-159	143-200	141-153	95-105	172-195	99-178	106-168	140-150	74	139-197	106-126																						
A(0)	9	5	4	7	5	4	6	4	5	4	12	5	19	4	4	7	12	10	2	1	13	9	8,045	4,246																					
He	0.886	0.681	0.617	0.801	0.715	0.747	0.676	0.412	0.746	0.453	0.909	0.762	0.964	0.689	0.667	0.841	0.893	0.887	0.198	0	0.931	0.901	0,699	0,244																					
Rs	7.278	4.122	3.672	5.400	4.251	3.930	4.640	NA	4.498	2.992	8.330	4.442	10.866	3.781	NA	6.285	8.145	7.364	1.889	NA	NA	7.226	5,506	2,281																					
C.Variegado/09212	Rango	165-194	163-175	144-154	114-170	106-126	160-169	122-132	81-99	234-247	106-135	212-257	147-159	136-202	141-153	95-101	170-193	133-176	106-159	140-154	74	149-199	104-122																						
A(0)	10	6	5	5	6	3	5	2	5	6	12	7	16	6	5	8	10	12	3	1	12	7	6,864	3,728																					
He	0.845	0.721	0.750	0.681	0.755	0.319	0.710	0.357	0.712	0.718	0.929	0.764	0.959	0.805	0.717	0.890	0.885	0.909	0.345	0	0.934	0.793	0,704	0,241																					
Rs	7.230	4.630	4.423	4.303	4.915	2.648	4.124	NA	4.579	5.200	9.005	5.105	10.424	5.179	NA	6.877	7.545	8.374	2.436	NA	NA	5.633	5,702	2,134																					
Crist.Amarillo/10084	Rango	163-194	163-177	146-154	115-170	119-129	162-175	122-159	83-91	230-188	107-137	226-245	145-157	149-204	141-153	93-105	172-193	99-178	106-152	140-157	--	129-201	106-124																						
A(1)	10	5	4	9	6	5	8	7	9	8	7	6	21	6	5	9	16	12	4	NA	12	9	6,909	4,131																					
He	0.876	0.741	0.686	0.905	0.703	0.695	0.811	0.813	0.890	0.840	0.841	0.822	0.971	0.510	0.588	0.900	0.958	0.929	0.642	--	0.955	0.879	0,807	0,128																					
Rs	7.703	4.479	3.460	7.276	4.719	4.339	6.345	NA	7.061	6.242	5.693	5.254	11.376	4.124	NA	7.247	10.340	8.888	3.413	NA	NA	6.808	6,376	2,244																					
Crist.Amarillo/09380	Rango	165-192	169-181	144-148	114-167	119-129	160-171	119-153	83-89	234-241	106-127	212-255	149-156	153-208	143-153	89-98	170-191	99-173	106-150	140-150	74	155-199	104-122																						
A(1)	11	4	4	9	6	5	6	4	5	5	14	4	18	5	4	11	10	15	2	1	13	7	8,476	4,553																					
He	0.850	0.617	0.681	0.677	0.707	0.746	0.838	0.540	0.721	0.717	0.888	0.529	0.967	0.719	0.374	0.875	0.894	0.936	0.225	0	0.917	0.771	0,690	0,240																					
Rs	6.969	3.408	3.459	5.804	4.854	4.309	5.510	NA	4.262	4.356	8.396	3.264	10.826	4.107	NA	7.596	7.532	9.364	1.915	NA	NA	5.315	5,625	2,367																					

Tabla A4 continuación. **Diversidad genética en razas nativas de maíz del Noroeste Argentino.** Rango alélico: tamaños extremos de los alelos encontrados en pares de bases. A: número de alelos, entre paréntesis se indica el número de alelos exclusivos para cada material. Rs: riqueza alélica poblacional en base a 7 individuos. He: heterocigosis esperada.

Población	Locus																				Media	desvio		
	Bnlg 1017	Bnlg 1209	Bnlg 1287	Bnlg 1740	Bnlg 1866	Phi 119	Bnlg 1018	Bnlg 1329	Bnlg 2132	Bnlg 1108	Bnlg 1070	Bnlg 252	Bnlg 244	Bnlg 1014	Bnlg 1732	Bnlg 149	Bnlg 1917	Bnlg 1360	Phi 72	Bnlg 1182			Bnlg 1194	Bnlg 1526
Blanco 8H/09183																								
Rango	167-198	169-175	144-152	117-165	106-129	160-167	122-152	83-101	232-243	106-137	228-257	147-157	149-209	141-160	95-105	168-189	99-178	108-150	140-150	72-104	134-191	104-124		
A(1)	7	6	4	7	10	5	6	3	5	7	10	6	20	6	4	6	10	11	2	6	10	8	7,409	3,741
He	0,833	0,805	0,542	0,794	0,881	0,740	0,654	0,577	0,690	0,815	0,850	0,543	0,979	0,773	0,752	0,750	0,835	0,783	0,442	0,638	0,781	0,907	0,744	0,132
Rs	6,010	5,423	3,127	5,694	7,336	4,252	4,628	NA	4,147	5,775	6,968	4,093	11,669	5,213	NA	4,981	6,863	6,972	1,999	NA	NA	7,191	5,686	2,095
Blanco 8H/09179																								
Rango	167-198	165-179	139-154	114-167	106-129	162-169	119-159	83-89	232-241	104-137	212-257	149-157	147-208	143-156	95-105	170-189	99-174	108-148	136-154	72-95	149-197	106-124		
A(1)	11	8	7	9	11	4	9	5	6	9	15	5	17	6	7	9	9	10	5	4	13	9	7,227	3,419
He	0,877	0,840	0,832	0,705	0,892	0,607	0,773	0,767	0,794	0,846	0,933	0,712	0,964	0,771	0,788	0,900	0,882	0,893	0,708	0,360	0,902	0,894	0,802	0,132
Rs	7,516	6,148	6,165	5,920	7,752	3,191	6,027	NA	5,098	6,641	9,372	3,920	10,616	5,314	NA	7,349	7,027	7,625	3,854	NA	NA	7,255	6,488	1,870
Morochito/09210																								
Rango	163-188	165-195	146-152	114-167	106-127	160-169	122-139	85-87	234-249	109-131	212-257	147-156	147-209	141-160	95-99	172-193	101-178	109-168	138-154	74	164-206	104-124		
A(3)	7	5	3	6	7	4	5	4	5	5	11	5	19	6	3	9	8	10	4	1	15	9	8,545	4,132
He	0,843	0,665	0,595	0,688	0,756	0,681	0,606	0,486	0,814	0,767	0,920	0,533	0,975	0,527	0,567	0,887	0,814	0,886	0,588	0	0,946	0,888	0,701	0,217
Rs	6,163	4,365	2,933	4,514	5,243	3,436	4,302	NA	4,707	4,699	8,826	3,644	11,460	4,106	NA	6,993	5,981	7,615	3,323	NA	NA	6,906	5,512	2,195
Morochito/09257																								
Rango	167-194	163-175	145-152	112-162	106-127	162-171	119-148	87-93	234-243	106-127	233-261	149-156	149-198	141-153	95-105	172-191	101-180	106-155	140-150	74	134-197	108-120		
A(0)	9	2	5	7	7	4	4	2	5	6	7	5	15	4	7	8	12	11	2	1	8	5	6,864	3,459
He	0,802	0,271	0,657	0,707	0,756	0,705	0,542	0,516	0,575	0,651	0,845	0,604	0,962	0,600	0,769	0,819	0,893	0,874	0,121	0	0,894	0,723	0,649	0,247
Rs	6,111	1,957	4,145	5,044	5,093	3,710	3,507	NA	3,769	4,729	6,172	4,023	10,414	3,129	NA	5,919	8,144	7,611	1,692	NA	NA	4,475	4,980	2,178
C.Garrapata/09206																								
Rango	165-196	169-171	144-148	114-167	109-129	162-171	122-157	85-91	234-241	107-113	212-255	149-157	134-196	144-155	94-99	176-193	122-173	106-163	140-150	74	151-197	104-124		
A(0)	11	4	4	4	6	5	6	4	5	3	9	5	18	5	6	5	9	12	2	1	10	8	6,182	3,839
He	0,909	0,593	0,627	0,615	0,833	0,718	0,822	0,722	0,830	0,527	0,854	0,776	0,978	0,457	0,813	0,750	0,896	0,926	0,238	0	0,886	0,881	0,711	0,238
Rs	8,503	3,731	3,833	3,453	5,400	4,554	5,379	NA	4,867	2,500	6,195	4,418	11,620	3,778	NA	5,000	7,806	8,965	1,889	NA	NA	6,741	5,480	2,469
C.Garrapata/09361																								
Rango	167-190	169-175	144-154	112-167	109-129	162-171	122-133	85-91	232-239	106-113	212-275	149-159	163-206	143-153	89-98	170-191	120-176	108-146	140-154	74	168-193	110-124		
A(1)	11	5	6	7	6	4	5	4	5	4	9	5	15	5	5	8	11	13	3	1	11	8	6,455	3,509
He	0,890	0,738	0,696	0,696	0,835	0,383	0,713	0,240	0,769	0,681	0,708	0,744	0,948	0,727	0,542	0,831	0,877	0,900	0,179	0	0,912	0,731	0,670	0,252
Rs	7,667	4,251	4,647	4,835	5,329	3,044	4,336	NA	4,341	3,427	5,312	4,362	9,807	4,358	NA	6,284	7,675	8,526	2,129	NA	NA	5,133	5,304	1,985
C.Rosado/09228																								
Rango	165-194	169-179	144-154	114-167	117-129	160-169	122-132	85-87	234-239	108-135	212-261	151-157	153-206	144-153	95-98	174-191	144-178	115-168	140-154	74	158-201	104-126		
A(0)	12	5	6	6	6	5	5	3	4	6	14	4	21	4	4	8	8	13	3	1	13	9	6,864	4,713
He	0,900	0,780	0,795	0,758	0,806	0,598	0,583	0,356	0,740	0,550	0,895	0,648	0,979	0,362	0,731	0,811	0,739	0,905	0,552	0	0,919	0,854	0,694	0,230
Rs	8,970	4,639	5,379	4,839	5,337	3,853	3,655	NA	3,903	3,984	8,581	3,527	11,652	3,172	NA	6,121	5,729	8,372	2,835	NA	NA	6,903	5,636	2,405
C.Rosado/09239																								
Rango	163-198	169-175	142-154	114-167	117-129	160-169	122-132	83-89	234-243	106-113	212-258	140-156	138-204	143-153	95-101	170-193	99-174	113-159	140-154	74	151-197	108-120		
A(2)	13	4	6	5	6	5	5	2	6	4	10	5	21	4	5	9	13	14	3	1	15	7	7,273	4,963
He	0,918	0,525	0,698	0,736	0,794	0,533	0,769	0,067	0,810	0,677	0,869	0,754	0,974	0,546	0,692	0,860	0,953	0,931	0,417	0	0,940	0,852	0,696	0,263
Rs	8,931	3,374	4,771	4,550	5,137	3,557	4,516	NA	5,044	3,806	7,233	4,560	11,692	2,875	NA	6,502	9,544	9,026	2,793	NA	NA	5,945	5,770	2,553
Pisingallo/09277																								
Rango	167-188	163-175	146-155	120-167	106-127	160-169	122-152	85-93	234-238	108-111	235-249	145-156	149-206	144-153	95-105	174-185	99-174	108-131	131-150	74	128-139	106-126		
A(1)	6	4	5	2	6	4	9	4	3	3	6	4	17	3	5	5	10	9	3	1	2	8	7,409	3,541
He	0,647	0,571	0,794	0,514	0,681	0,508	0,714	0,709	0,709	0,464	0,824	0,567	0,971	0,581	0,756	0,805	0,863	0,833	0,500	0	0,667	0,710	0,654	0,198
Rs	4,659	3,334	4,788	2,000	4,920	3,556	6,167	NA	3,000	2,983	5,542	3,323	11,392	2,724	NA	4,832	7,033	6,408	2,500	NA	NA	5,258	4,690	2,214
Pisingallo/09369																								
Rango	163-190	163-175	144-155	114-167	106-127	160-171	122-148	85-89	232-239	106-115	212-251	147-156	147-204	144-153	95-98	172-187	101-174	108-139	140-150	74	139-189	104-120		
A(1)	10	5	6	6	7	5	5	4	6	6	9	5	21	3	4	6	8	10	2	1	8	8	5,409	3,984
He	0,833	0,708	0,757	0,794	0,740	0,705	0,646	0,542	0,797	0,657	0,846	0,781	0,981	0,550	0,762	0,777	0,806	0,867	0,463	0	0,897	0,810	0,715	0,200
Rs	7,164	4,361	4,984	5,226	5,422	4,627	4,225	NA	5,120	4,124	6,547	4,706	11,878	2,691	NA	5,141	5,673	7,137	2,000	NA	NA	5,809	5,380	2,087
Cuzco/09209																								
Rango	197-190	169-175	144-154	114-120	109-127	160-169	122-133	87-89	234-241	108-137	212-264	149-159	149-209	144-153	95-101	174-191	99-173	108-166	140-150	74	151-195	110-122		
A(0)	9	4	4	3	5	5	5	3	5	5	11	6	17	4	4	7	10	18	2	1	15	7	6,591	4,697
He	0,865	0,690	0,660	0,497	0,700	0,522	0,513	0,300	0,754	0,433	0,920	0,790	0,967	0,506	0,659	0,882	0,929	0,975	0,121	0	0,913	0,871	0,658	0,273
Rs	6,841	3,460	3,795	2,756	4,310	3,840	3,841	NA	4,413	3,481	8,660	5,141	10,458	3,310	NA	6,261	8,406	10,991	1,692	NA	NA			

Tabla A4 continuación. **Diversidad genética en razas nativas de maíz del Noroeste Argentino.** Rango alélico: tamaños extremos de los alelos encontrados en pares de bases. A: número de alelos, entre paréntesis se indica el número de alelos exclusivos para cada material. Rs: riqueza alélica poblacional en base a 7 individuos. He: heterocigosis esperada.

Población	Locus																							Media	desvio
	Bnlg 1017	Bnlg 1209	Bnlg 1287	Bnlg 1740	Bnlg 1866	Phi 119	Bnlg 1018	Bnlg 1329	Bnlg 2132	Bnlg 1108	Bnlg 1070	Bnlg 252	Bnlg 244	Bnlg 1014	Bnlg 1732	Bnlg 149	Bnlg 1917	Bnlg 1360	Phi 72	Bnlg 1182	Bnlg 1194	Bnlg 1526			
Cuzco/09366	165-198	163-175	144-154	114-124	109-127	160-169	122-132	87-91	234-243	106-135	212-263	151-157	138-198	144-153	93-98	170-195	99-178	113-168	140-154	74-97	151-183	108-124			
Rango	12	5	6	6	5	5	5	2	6	4	12	4	17	4	6	12	15	14	3	2	11	8			
A(0)	0.869	0.733	0.631	0.623	0.679	0.510	0.763	0.467	0.814	0.641	0.902	0.748	0.969	0.696	0.743	0.929	0.956	0.939	0.373	0.063	0.783	0.823	6,818		
He	0.712	0.437																					4,437		
Rs	7.493	4.340	4.779	4.254	4.217	4.516	NA	5.242	3.522	8.341	3.955	10.736	3.792	NA	8.515	10.155	9.429	2.649	NA	NA	5.820	5,863	2,541		
Culli/09307	165-189	169-173	144-154	118-167	106-127	160-171	122-155	83-89	234-241	108-115	212-257	149-157	134-209	144-156	95-97	174-189	133-180	109-166	136-154	74	153-199	110-120			
Rango	11	3	6	4	7	6	5	3	5	4	10	4	17	5	2	8	13	12	4	1	9	6			
A(1)	0.924	0.681	0.651	0.583	0.744	0.753	0.739	0.627	0.817	0.575	0.907	0.627	0.964	0.615	0.350	0.773	0.946	0.909	0.288	0	0.868	0.760	7,455		
He	0.234																						0,686		
Rs	8.527	2.997	4.258	3.191	5.471	4.738	4.399	NA	4.847	3.650	7.753	3.273	10.766	4.161	NA	6.241	9.289	8.638	2.710	NA	NA	4.918	5,546	2,429	
Culli/09197	167-194	165-179	144-154	114-167	106-127	160-169	122-132	87-91	232-239	106-127	212-264	149-159	152-206	141-156	95-105	174-191	118-178	108-166	140-154	74-99	134-189	106-118			
Rango	12	6	5	6	7	5	5	3	5	4	12	6	18	5	5	9	10	11	3	2	11	6			
A(0)	0.902	0.667	0.759	0.690	0.744	0.610	0.719	0.484	0.538	0.681	0.883	0.765	0.969	0.629	0.748	0.888	0.856	0.856	0.363	0.063	0.852	0.692	6,591		
He	0.204																						0,698		
Rs	8.093	4.472	4.506	4.515	5.471	4.023	3.927	NA	3.557	3.861	7.793	5.045	10.817	3.710	NA	6.990	6.962	7.343	2.417	NA	NA	4.401	5,439	2,117	
Chulpi/09207	155-194	163-177	144-154	114-170	119-127	160-171	122-154	--	234-247	107-135	212-255	149-156	143-202	141-153	95-101	172-193	127-176	109-168	136-154	74	158-197	104-124			
Rango	8	6	5	6	5	6	9	NA	5	4	12	4	20	5	4	9	11	8	4	1	15	8			
A(0)	0.726	0.779	0.729	0.706	0.733	0.821	0.824	--	0.736	0.382	0.921	0.694	0.969	0.435	0.619	0.907	0.888	0.802	0.538	0	0.925	0.898	7,091		
He	0.227																						0,716		
Rs	5.715	4.787	4.322	4.702	4.332	5.088	6.567	NA	4.448	3.148	8.791	3.811	11.183	3.546	NA	7.551	7.553	5.962	3.352	NA	NA	6.985	5,658	2,124	
Chulpi/09249	167-190	169-175	144-154	112-167	119-127	162-173	122-132	85-91	234-243	106-127	212-261	143-157	161-202	144-153	95-99	170-191	129-180	109-155	136-150	74	151-187	104-124			
Rango	10	4	6	7	6	5	3	3	5	7	12	6	17	3	5	11	12	13	4	1	11	7			
A(1)	0.850	0.623	0.757	0.740	0.760	0.677	0.554	0.179	0.696	0.735	0.900	0.738	0.959	0.677	0.673	0.875	0.848	0.921	0.410	0	0.920	0.819	7,381		
He	0.237																						0,696		
Rs	7.416	3.352	4.643	5.296	4.798	4.421	2.948	NA	3.854	5.427	8.257	4.545	10.766	2.996	NA	7.743	7.582	8.843	2.855	NA	NA	5.640	5,632	2,297	
Bolita/NA1	167-200	169-173	146-154	114-122	106-127	167-169	122-133	85-89	234-249	106-113	212-253	149-159	136-202	144-155	93-97	170-191	99-180	106-119	140-169	74	162-187	106-120			
Rango	10	3	4	5	6	3	5	3	5	3	7	5	10	4	3	7	11	6	2	1	6	5			
A(0)	0.871	0.375	0.58	0.64	0.79	0.455	0.685	0.14	0.643	0.533	0.807	0.546	0.852	0.548	0.583	0.804	0.881	0.699	0.388	NA	0.797	0.64	5,18		
He	0.189																						0,631		
Rs	7.162	2.750	3.386	4.298	4.820	2.464	3.832	NA	3.888	2.724	5.349	3.959	7.162	3.127	NA	5.604	7.851	4.412	1.996	NA	NA	4.167	4,386	1,685	
Bolita/NA2	167-200	163-173	146-152	114-170	106-129	162-167	119-133	85-89	234-249	106-115	212-255	143-162	157-204	141-153	93-98	170-191	146-171	113-159	140-154	74	162-189	112-120			
Rango	10	4	3	10	6	3	6	3	4	5	9	7	9	5	5	8	7	11	3	1	6	4			
A(0)	0.807	0.444	0.331	0.817	0.75	0.231	0.743	0.56	0.631	0.729	0.746	0.769	0.788	0.69	0.739	0.824	0.61	0.888	0.671	NA	0.801	0.671	5,86		
He	0.166																						0,678		
Rs	6.480	2.866	2.671	6.973	4.692	2.273	4.894	NA	3.667	4.343	5.948	5.104	6.506	4.075	NA	6.199	4.739	7.965	2.998	NA	NA	3.426	4,768	1,639	

Tabla A5. Distancia geográfica en kilómetros (color gris) y altitudinal en metros, entre los pares de entradas incluidas en este estudio.

	AM_1	AM_2	C_1	C_2	P_1	P_2	Pe_1	Pe_2	DB_1	DB_2	A8H_1	A8H_2	CaB_1	CaB_2	CaA_1	CaA_2	DA_1	DA_2	CaV_1	CaV_2	CrA_1	CrA_2	B8H_1	B8H_2	M_1	M_2	CaG_1	CaG_2	CaR_1	CaR_2	Pi_1	Pi_2	Cuz_1	Cuz_2	Cu_1	Cu_2	Ch_1	Ch_2	B_1	B_2
AM_1	0	100	380	490	200	1300	1420	1000	200	260	1450	1450	1600	1400	534	510	260	500	1420	1300	490	594	300	300	1450	1420	1060	875	1080	1250	1420	910	1300	910	1080	965	1060	1300	2180	1956
AM_2	252	0	280	590	300	1400	1520	1100	300	360	1550	1550	1700	1500	634	610	360	600	1520	1400	590	694	400	400	1550	1520	1160	975	1180	1350	1520	1010	1400	1010	1180	1065	1160	1400	2280	2056
C_1	235	70	0	870	580	1680	1800	1380	580	640	1830	1830	1980	1780	914	890	640	880	1800	1680	870	974	680	680	1830	1800	1440	1255	1460	1630	1800	1290	1680	1290	1460	1345	1440	1680	2560	2336
C_2	309	115	77	0	290	810	930	510	290	230	960	960	1110	910	44	20	230	10	930	810	0	104	190	190	960	930	570	385	590	760	930	420	810	420	590	475	570	810	1690	1466
P_1	358	131	123	59	0	1100	1220	800	0	60	1250	1250	1400	1200	334	310	60	300	1220	1100	290	394	100	100	1250	1220	860	675	880	1050	1220	710	1100	710	880	765	860	1100	1980	1756
P_2	103	301	261	323	379	0	120	300	1100	1040	150	150	300	100	766	790	1040	800	120	0	810	706	1000	1000	150	120	240	425	220	50	120	390	0	390	220	335	240	0	880	656
Pe_1	100	298	258	320	376	4	0	420	1220	1160	30	30	180	20	886	910	1160	920	0	120	930	826	1120	1120	30	0	360	545	340	170	0	510	120	510	340	455	360	120	760	536
Pe_2	95	263	221	283	339	40	37	0	800	740	450	450	600	400	466	490	740	500	420	300	510	406	700	700	450	420	60	125	80	250	420	90	300	90	80	35	60	300	1180	956
DB_1	0	0	0	0	0	0	0	0	60	1250	1250	1400	1200	334	310	60	300	1220	1100	290	394	100	100	1250	1220	860	675	880	1050	1220	710	1100	710	880	765	860	1100	1980	1756	
DB_2	95	215	174	239	294	87	83	48	0	0	1190	1190	1340	1140	274	250	0	240	1160	1040	230	334	40	40	1190	1160	800	615	820	990	1160	650	1040	650	820	705	800	1040	1920	1696
A8H_1	105	221	176	239	295	85	82	45	0	12	0	0	150	150	916	940	1190	950	30	150	960	856	1150	1150	0	30	390	575	370	200	30	540	150	540	370	485	390	150	730	506
A8H_2	101	273	230	291	348	32	29	10	0	57	54	0	150	150	916	940	1190	950	30	150	960	856	1150	1150	0	30	390	575	370	200	30	540	150	540	370	485	390	150	730	506
CaB_1	98	291	251	313	369	10	7	30	0	77	75	22	0	200	1066	1090	1340	1100	180	300	1110	1006	1300	1300	150	180	540	725	520	350	180	690	300	690	520	635	540	300	580	356
CaB_2	98	292	252	314	370	9	6	31	0	78	76	23	1	0	866	890	1140	900	20	100	910	806	1100	1100	50	20	340	525	320	150	20	490	100	490	320	435	340	100	780	556
CaA_1	103	234	190	252	308	71	68	31	0	21	14	40	61	62	0	24	274	34	886	766	44	60	234	234	916	886	526	341	546	716	886	376	766	376	546	431	526	766	1646	1422
CaA_2	105	234	189	250	307	72	69	33	0	22	13	41	63	64	2	0	250	10	910	790	20	84	210	210	940	910	550	365	570	740	910	400	790	400	570	455	550	790	1670	1446
DA_1	94	216	175	240	295	86	83	47	0	1	13	57	76	77	21	22	0	240	1160	1040	230	334	40	40	1190	1160	800	615	820	990	1160	650	1040	650	820	705	800	1040	1920	1696
DA_2	103	230	186	248	304	75	72	35	0	18	10	44	65	66	4	4	18	0	920	800	10	94	200	200	950	920	560	375	580	750	920	410	800	410	580	465	560	800	1680	1456
CaV_1	97	295	255	318	374	7	3	35	0	81	79	27	5	4	66	67	80	70	0	120	930	826	1120	1120	30	0	360	545	340	170	0	510	120	510	340	455	360	120	760	536
CaV_2	97	270	228	290	346	33	30	7	0	54	52	5	24	24	38	39	54	42	28	0	810	706	1000	1000	150	120	240	425	220	50	120	390	0	390	220	335	240	0	880	656
CrA_1	358	132	123	58	2	379	376	339	0	294	294	347	369	370	308	307	295	304	374	346	0	104	190	190	960	930	570	385	590	760	930	420	810	420	590	475	570	810	1690	1466
CrA_2	104	234	190	251	308	72	69	32	0	22	14	40	62	63	1	1	22	4	66	38	307	0	294	294	856	826	466	281	486	656	826	316	706	316	486	371	466	706	1586	1362
B8H_1	107	221	177	238	295	85	82	45	0	14	2	53	75	76	14	13	15	10	79	51	294	13	0	0	1150	1120	760	575	780	950	1120	610	1000	610	780	665	760	1000	1880	1656
B8H_2	106	221	177	239	295	84	81	44	0	13	1	53	74	75	13	13	14	9	79	51	295	13	1	0	1150	1120	760	575	780	950	1120	610	1000	610	780	665	760	1000	1880	1656
M_1	100	272	230	291	347	32	29	9	0	57	53	1	23	24	39	41	56	43	28	4	347	40	53	53	0	30	390	575	370	200	30	540	150	540	370	485	390	150	730	506
M_2	99	295	255	317	373	6	3	34	0	81	79	26	4	3	65	67	80	69	3	27	373	66	79	78	26	0	360	545	340	170	0	510	120	510	340	455	360	120	760	536
CaG_1	93	266	225	287	344	36	33	5	0	51	49	9	26	27	36	37	51	39	30	4	343	36	49	49	8	30	0	185	20	190	360	150	240	150	20	95	0	240	1120	896
CaG_2	96	258	216	278	334	45	42	5	0	43	40	15	35	36	26	27	42	30	40	12	334	27	39	39	14	39	10	0	205	375	545	35	425	35	205	90	185	425	1305	1081
CaR_1	93	262	220	283	339	40	37	2	0	47	45	12	30	31	31	33	46	35	35	8	339	32	45	44	11	34	4	6	0	170	340	170	220	170	0	115	20	220	1100	876
CaR_2	91	275	234	297	353	27	23	15	0	60	59	11	17	17	45	47	60	49	21	9	353	46	59	58	11	21	10	20	14	0	170	340	50	340	170	285	190	50	930	706
Pi_1	99	296	256	318	375	6	2	35	0	82	80	28	5	4	66	68	81	70	2	29	374	67	80	80	28	2	31	40	35	22	0	510	120	510	340	455	360	120	760	536
Pi_2	96	262	220	282	338	41	38	1	0	47	44	11	31	32	30	31	46	34	36	8	338	31	43	43	10	35	6	4	3	16	36	0	390	0	170	55	150	390	1270	1046
Cuz_1	94	266	224	287	343	36	33	4	0	51	48	8	27	27	35	36	50	39	31	4	343	35	48	48	7	30	1	9	4	11	32	5	0	390	220	335	240	0	880	656
Cuz_2	96	261	219	281	337	42	39	2	0	46	43	12	32	33	29	30	46	33	37	9	337	30	43	42	11	36	7	3	4	17	37	1	6	0	170	55	150	390	1270	1046
Cu_1	92	276	236	299	355	25	22	16	0	62	60	12	15	16	47	48	61	51	19	10	354	47	60	60	11	19	11	21	16	2	20	17	12	18	0	115	20	220	1100	876
Cu_2	94	262	220	282	339	41	38	1	0	46	44	12	31	32	30	32	46	34	35	8	338	31	44	44	11	35	5	5	1	15	36	2	4	2	16	0	95	335	1215	991
Ch_1	95	267	225	287	343	36	33	4	0	51	49	7	26	27	35	36	51	39	31	3	343	36	48	48	7	30	2	9	5	11	31	5	1	6	12	5	0	240	1120	896
Ch_2	102	283	241	302	359	21	19	20	0	68	65	11	12	13	51	52	67	55	17	13	358	51	64	64	11	16	17	25												

Análisis de estructura bayesiano para maíces del Valle estimas de probabilidad

Tabla A6. Análisis bayesiano de estructura poblacional para 40 entradas incluidas en este trabajo. Estimaciones de probabilidad para valores de K poblaciones entre 1 y 15 para 22 marcadores SSR. LnP(D) = logaritmo natural de la probabilidad de los datos.

K	LnP(D)	Media de LnP(D)	Varianza de Ln(P)	K	LnP(D)	Media de LnP(D)	Varianza de Ln(P)
1	-46051.3	-45949.9	203.0	2	-44585.3	-44270.0	630.8
1	-46051.2	-45949.9	202.7	2	-44586.4	-44270.4	632.0
1	-46051.3	-45949.9	202.8	2	-44587.5	-44270.3	634.4
1	-46051.4	-45949.9	203.1	2	-44586.4	-44269.7	633.3
1	-46051.1	-45949.9	202.5	2	-44586.0	-44269.9	632.3
1	-46051.2	-45949.9	202.6	2	-44586.2	-44269.7	633.1
1	-46051.2	-45949.9	202.6	2	-44587.8	-44270.2	635.3
1	-46051.3	-45949.9	202.8	2	-44588.8	-44270.3	636.9
1	-46051.0	-45949.9	202.3	2	-44588.2	-44270.1	636.1
1	-46051.2	-45949.9	202.6	2	-44585.5	-44269.7	631.6
3	-44175.3	-43677.0	996.5	4	-43865.6	-43232.6	1266.1
3	-44171.3	-43676.5	989.5	4	-43864.1	-43231.7	1265.0
3	-44172.8	-43676.4	992.8	4	-43966.1	-43291.6	1348.9
3	-44174.8	-43676.7	996.2	4	-43966.5	-43291.8	1349.3
3	-44174.3	-43676.9	994.8	4	-43967.1	-43291.8	1350.6
3	-44173.9	-43676.6	994.6	4	-43862.2	-43232.7	1259.0
3	-44174.8	-43676.6	996.5	4	-43965.1	-43291.2	1347.9
3	-44173.1	-43676.1	994.1	4	-43965.4	-43291.7	1347.3
3	-44173.9	-43676.6	994.5	4	-43965.8	-43291.4	1348.8
3	-44287.3	-43800.6	973.4	4	-43964.5	-43290.7	1347.6
5	-43656.4	-42860.7	1591.4	6	-43524.2	-42594.1	1860.3
5	-43655.9	-42859.9	1592.1	6	-43762.6	-42830.7	1863.7
5	-43674.1	-42863.5	1621.3	6	-43522.0	-42594.1	1855.7
5	-43666.5	-42862.5	1608.1	6	-43571.5	-42595.9	1951.1
5	-43668.7	-42864.1	1609.2	6	-43517.6	-42594.0	1847.1
5	-43654.9	-42860.0	1589.8	6	-43508.4	-42601.1	1814.7
5	-43724.1	-42952.9	1542.4	8	-43492.8	-42410.2	2165.3
5	-43668.1	-42863.6	1608.9	8	-43587.6	-42597.4	1980.4
5	-43668.2	-42863.5	1609.3	8	-43540.5	-42417.1	2246.8
5	-44022.7	-42873.7	2298.0	8	-43586.8	-42597.2	1979.1
7	-43455.8	-42408.5	2094.6	8	-43587.4	-42601.2	1972.4
7	-43561.0	-42589.2	1943.5	8	-43597.0	-42607.8	1978.3
7	-43454.6	-42408.2	2092.9	8	-43486.8	-42409.7	2154.2
7	-43570.3	-42468.8	2202.9	10	-43583.8	-42479.6	2208.5
7	-43583.2	-42601.9	1962.7	10	-43641.5	-42215.6	2851.9
7	-43449.9	-42409.2	2081.5	10	-43627.8	-42618.6	2018.5
7	-43451.1	-42408.8	2084.6	10	-43652.1	-42626.8	2050.7
7	-43456.8	-42409.4	2094.8	10	-43531.6	-42427.4	2208.4
7	-43567.0	-42589.0	1956.0	10	-43833.9	-42862.3	1943.2
9	-43789.9	-42274.6	3030.6	10	-43530.9	-42428.7	2204.3
9	-43602.8	-42607.2	1991.2	10	-43633.2	-42618.4	2029.7
9	-43601.0	-42607.6	1986.8	10	-43535.3	-42428.2	2214.2
9	-43604.7	-42606.4	1996.5	12	-43573.2	-42451.1	2244.3
9	-43485.1	-42283.5	2403.2	12	-43681.7	-42647.6	2068.3
9	-43766.2	-42414.8	2702.8	12	-43570.8	-42450.1	2241.3
9	-43531.7	-42417.5	2228.4	12	-43575.2	-42450.9	2248.7
9	-43507.1	-42417.4	2179.4	12	-43689.7	-42650.0	2079.6
11	-43555.7	-42439.6	2232.3	12	-43661.6	-42637.1	2049.0
11	-43647.8	-42629.3	2036.9	12	-43568.7	-42450.7	2236.1
11	-43661.7	-42637.2	2049.0	12	-43575.3	-42450.9	2248.7
11	-43667.0	-42638.2	2057.6	12	-43736.8	-42653.9	2165.7
11	-43546.8	-42439.2	2215.2	12	-43680.4	-42449.0	2462.9
11	-43626.4	-42488.2	2276.3	14	-43617.2	-42474.2	2286.0
11	-43554.7	-42439.4	2230.7	14	-43594.8	-42339.6	2510.3
11	-43651.7	-42443.1	2417.1	14	-43615.9	-42473.6	2284.7
11	-43649.5	-42628.7	2041.6	14	-43696.5	-42661.9	2069.3
13	-43599.4	-42461.5	2275.7	14	-43608.6	-42474.8	2267.6
13	-43600.7	-42462.6	2276.3	14	-43619.7	-42474.1	2291.3
13	-43671.2	-42513.7	2315.0	14	-43673.0	-42473.2	2399.7
13	-43687.9	-42650.8	2074.2	14	-43656.4	-42523.1	2266.5
13	-43596.8	-42463.1	2267.3				
13	-43624.7	-42462.0	2325.5				
13	-43691.9	-42650.7	2082.4				
13	-43775.4	-42648.1	2254.5				
15	-43624.7	-42351.8	2545.9				
15	-43631.7	-42485.5	2292.3				
15	-43619.7	-42353.0	2533.5				
15	-43628.5	-42486.2	2284.6				
15	-43632.6	-42484.9	2295.3				
15	-43728.4	-42673.0	2110.8				
15	-43714.3	-42542.0	2344.6				
15	-43647.6	-42487.4	2320.4				
15	-43633.2	-42483.8	2298.6				

Tabla A7. **Análisis Bayesiano de Estructura Poblacional para 40 entradas pertenecientes a los Valles del NOA.** Estimaciones de probabilidad media y valores de Delta K para valores de K poblaciones entre 1 y 15 para 6 a 10 repeticiones por K. LnP(D)= logaritmo natural de la probabilidad de los datos. En amarillo se resalta el mayor valor encontrado.

K	Reps	LnP(D) Medio	Desvio	Ln'(D)	Ln''(D)	Delta K
1	10	-46051.220000	0.113529	—	—	—
2	10	-44586.810000	1.188323	1464.410000	1062.750000	894.327692
3	10	-44185.150000	35.910823	401.660000	151.750000	4.225746
4	10	-43935.240000	49.195036	249.910000	20.630000	0.419351
5	10	-43705.960000	113.059603	229.280000	91.036667	0.805210
6	6	-43567.716667	97.987436	138.243333	76.048889	0.776109
7	9	-43505.522222	61.828529	62.194444	110.800794	1.792066
8	7	-43554.128571	47.631877	-48.606349	8.327579	0.174832
9	8	-43611.062500	112.905560	-56.933929	49.096429	0.434845
10	9	-43618.900000	94.675736	-7.837500	8.815278	0.093110
11	9	-43617.922222	50.441545	0.977778	14.395556	0.285391
12	10	-43631.340000	64.676704	-13.417778	11.242222	0.173822
13	8	-43656.000000	62.723657	-24.660000	45.397500	0.723770
14	8	-43635.262500	35.681926	20.737500	36.663889	1.027520
15	9	-43651.188889	40.642356	-15.926389	—	—

Análisis de Varianza molecular

Tabla A8. **Análisis de Varianza Molecular.** Para dos regiones conformadas a partir de K= 2 poblaciones genéticas en base a análisis de estructura bayesiano.

No. Muestras	628
No. Pob.	40
No. Regiones	2

Tabla de AMOVA

Fuente	df	SS	MS	Est. Var.	%
Entre Regiones	1	373.120	373.120	1.249	5%
Entre Poblaciones	38	2222.739	58.493	2.453	10%
Dentro Poblaciones	589	11734.151	19.922	19.922	84%
Total	628	14330.010		23.624	100%

Stat	Valor	$\lambda(\text{rand} \geq \text{data})$
PhiRT	0.053	0.010
PhiPR	0.110	0.010
PhiPT	0.157	0.010

Probability, $P(\text{rand} \geq \text{data})$, for PhiRT and PhiPT is based on permutation across the full data set.
Probability, $P(\text{rand} \geq \text{data})$, for PhiPR is based on optional permutation within regions.

$$\text{PhiRT} = \text{ER} / (\text{DP} + \text{EP} + \text{ER}) = \text{ER} / \text{TOT}$$

$$\text{PhiPR} = \text{EP} / (\text{DP} + \text{EP})$$

$$\text{PhiPT} = (\text{EP} + \text{ER}) / (\text{DP} + \text{EP} + \text{ER}) = (\text{EP} + \text{ER}) / \text{TOT}$$

Tabla A9. Distancia euclidea consenso morfológico-molecular entre 30 entras de maíces de los Valles.

	AM_1	AM_2	C_1	C_2	P_1	P_2	Pe_1	Pe_2	DB_1	DB_2	A8H_1	A8H_2	CaB_2	DA_1	DA_2	CaV_1	CaV_2	CrA_1	CrA_2	B8H_1	B8H_2	M_2	CaG_1	CaG_2	Pi_1	Pi_2	Cuz_1	Cu_1	Cu_2	Ch_1	
AM_1	0																														
AM_2	0,115	0																													
C_1	0,147	0,083	0																												
C_2	0,374	0,283	0,227	0																											
P_1	0,22	0,125	0,08	0,158	0																										
P_2	0,61	0,561	0,482	0,33	0,449	0																									
Pe_1	0,499	0,43	0,358	0,174	0,31	0,158	0																								
Pe_2	0,493	0,454	0,372	0,262	0,351	0,122	0,133	0																							
DB_1	0,296	0,186	0,223	0,263	0,178	0,592	0,438	0,51	0																						
DB_2	0,306	0,201	0,247	0,298	0,209	0,626	0,472	0,544	0,035	0																					
A8H_1	0,257	0,203	0,122	0,151	0,111	0,359	0,241	0,251	0,288	0,319	0																				
A8H_2	0,334	0,297	0,214	0,185	0,207	0,276	0,19	0,16	0,38	0,413	0,097	0																			
CaB_2	0,156	0,104	0,022	0,222	0,085	0,464	0,344	0,353	0,24	0,266	0,105	0,194	0																		
DA_1	0,288	0,175	0,169	0,161	0,098	0,487	0,334	0,406	0,105	0,139	0,196	0,283	0,18	0																	
DA_2	0,299	0,235	0,158	0,114	0,126	0,326	0,2	0,225	0,294	0,327	0,044	0,089	0,144	0,194	0																
CaV_1	0,299	0,229	0,156	0,101	0,116	0,334	0,202	0,236	0,279	0,313	0,051	0,105	0,143	0,179	0,017	0															
CaV_2	0,243	0,159	0,096	0,131	0,041	0,409	0,272	0,31	0,213	0,246	0,075	0,168	0,092	0,122	0,086	0,075	0														
CrA_1	0,244	0,18	0,103	0,145	0,083	0,381	0,256	0,275	0,26	0,292	0,028	0,125	0,088	0,17	0,056	0,055	0,048	0													
CrA_2	0,341	0,322	0,24	0,239	0,247	0,282	0,225	0,16	0,424	0,456	0,136	0,054	0,218	0,33	0,139	0,156	0,211	0,164	0												
B8H_1	0,247	0,135	0,128	0,173	0,064	0,49	0,341	0,4	0,116	0,148	0,172	0,265	0,14	0,042	0,179	0,165	0,098	0,145	0,308	0											
B8H_2	0,299	0,221	0,153	0,084	0,101	0,348	0,209	0,255	0,257	0,291	0,068	0,13	0,143	0,155	0,042	0,025	0,062	0,061	0,181	0,145	0										
M_2	0,563	0,496	0,423	0,237	0,376	0,113	0,066	0,143	0,5	0,534	0,305	0,245	0,409	0,397	0,265	0,268	0,338	0,321	0,272	0,406	0,275	0									
CaG_1	0,177	0,202	0,141	0,302	0,203	0,455	0,372	0,334	0,363	0,387	0,151	0,184	0,124	0,301	0,193	0,202	0,193	0,159	0,175	0,263	0,217	0,429	0								
CaG_2	0,214	0,214	0,14	0,26	0,184	0,406	0,321	0,286	0,356	0,383	0,11	0,134	0,119	0,282	0,148	0,16	0,165	0,123	0,129	0,248	0,178	0,379	0,051	0							
Pi_1	0,599	0,523	0,455	0,246	0,399	0,167	0,108	0,212	0,501	0,534	0,344	0,298	0,443	0,403	0,301	0,301	0,364	0,355	0,331	0,419	0,303	0,07	0,479	0,429	0						
Pi_2	0,374	0,277	0,229	0,03	0,154	0,357	0,2	0,292	0,239	0,273	0,167	0,212	0,226	0,139	0,135	0,12	0,134	0,157	0,265	0,157	0,1	0,26	0,316	0,277	0,264	0					
Cuz_1	0,259	0,18	0,112	0,118	0,064	0,386	0,251	0,288	0,233	0,265	0,059	0,148	0,104	0,137	0,063	0,052	0,023	0,036	0,193	0,117	0,042	0,317	0,193	0,159	0,344	0,125	0				
Cu_1	0,235	0,225	0,146	0,239	0,179	0,381	0,294	0,261	0,355	0,383	0,091	0,107	0,124	0,274	0,126	0,139	0,154	0,109	0,106	0,243	0,158	0,352	0,077	0,027	0,402	0,258	0,145	0			
Cu_2	0,332	0,282	0,202	0,146	0,181	0,28	0,173	0,172	0,35	0,383	0,079	0,039	0,184	0,25	0,056	0,071	0,141	0,103	0,092	0,236	0,095	0,234	0,199	0,149	0,28	0,173	0,119	0,122	0		
Ch_1	0,258	0,143	0,162	0,213	0,113	0,536	0,385	0,449	0,066	0,098	0,222	0,316	0,179	0,054	0,23	0,216	0,148	0,195	0,358	0,051	0,195	0,449	0,302	0,292	0,457	0,193	0,168	0,29	0,286	0	

Análisis de estructura bayesiana para maíces de Yungas

Tabla A10. Análisis Bayesiano de estructura poblacional para 10 entradas pertenecientes a Yungas. Estimaciones de probabilidad para valores de K poblaciones entre 1 y 10 para 10 marcadores SSR. LnP(D) = logaritmo natural de la probabilidad de los datos.

K	LnP(D)	Media de Ln(P)	Varianza de Ln(P)	K	LnP(D)	Media de Ln(P)	Varianza de Ln(P)	K	LnP(D)	Media de Ln(P)	Varianza de Ln(P)
1	-2323.7	-2298.1	51.2	2	-2240.5	-2173.3	134.4	3	-2185.4	-2084.6	201.5
1	-2323.6	-2298.1	51.1	2	-2241.6	-2173.4	136.3	3	-2185.4	-2084.8	201.3
1	-2323.8	-2298.1	51.4	2	-2241.3	-2173.5	135.6	3	-2184.2	-2084.4	199.5
1	-2323.6	-2298.1	51.0	2	-2241.1	-2173.3	135.4	3	-2184.9	-2084.5	200.8
1	-2323.7	-2298.1	51.1	2	-2240.5	-2173.3	134.3	3	-2184.1	-2084.4	199.4
1	-2323.6	-2298.1	51.1	2	-2240.6	-2173.3	134.7	3	-2184.3	-2084.4	199.8
1	-2323.7	-2298.1	51.2	2	-2241.3	-2173.2	136.1	3	-2184.9	-2084.6	200.7
1	-2323.6	-2298.1	51.2	2	-2240.8	-2173.3	135.1	3	-2184.6	-2084.3	200.6
1	-2323.8	-2298.1	51.4	2	-2241.2	-2173.4	135.6	3	-2185.3	-2084.5	201.6
1	-2323.7	-2298.1	51.2	2	-2240.9	-2173.3	135.1	3	-2184.6	-2084.4	200.4
4	-2203.9	-2051.3	305.3	5	-2210.9	-2037.8	346.1	6	-2235.5	-2032.0	407.0
4	-2196.6	-2050.2	292.8	5	-2210.2	-2039.1	342.3	6	-2234.7	-2032.3	404.9
4	-2197.9	-2049.6	296.6	5	-2214.1	-2039.7	348.8	6	-2233.6	-2031.9	403.2
4	-2201.9	-2051.3	301.2	5	-2210.0	-2038.7	342.7	6	-2236.3	-2031.7	409.1
4	-2205.3	-2051.6	307.3	5	-2210.4	-2038.7	343.4	6	-2231.8	-2031.8	400.0
4	-2196.0	-2050.5	291.0	5	-2209.9	-2037.4	345.0	6	-2237.2	-2031.2	412.0
4	-2196.9	-2050.0	293.8	5	-2213.2	-2038.4	349.7	6	-2233.7	-2032.0	403.5
4	-2198.1	-2049.9	296.4	5	-2214.3	-2039.1	350.4	6	-2235.1	-2031.8	406.5
4	-2197.8	-2049.9	295.7	5	-2213.1	-2039.1	348.1	6	-2237.3	-2032.0	410.5
4	-2197.6	-2050.3	294.5	5	-2213.5	-2038.8	349.4	6	-2233.3	-2031.8	403.0
7	-2251.4	-2029.0	444.8	8	-2263.8	-2030.3	467.0	9	-2273.6	-2030.8	485.5
7	-2247.5	-2030.6	433.7	8	-2262.1	-2029.8	464.6	9	-2281.0	-2032.3	497.6
7	-2247.4	-2030.1	434.6	8	-2263.7	-2028.7	469.9	9	-2271.5	-2032.0	478.9
7	-2248.9	-2028.9	440.0	8	-2257.3	-2028.9	457.0	9	-2275.3	-2032.2	486.3
7	-2248.9	-2029.8	438.1	8	-2262.8	-2030.6	464.4	9	-2273.2	-2032.0	482.4
7	-2255.1	-2028.9	452.3	8	-2260.1	-2030.2	459.8	9	-2273.4	-2032.3	482.2
7	-2248.3	-2029.6	437.3	8	-2261.5	-2029.6	463.9	9	-2269.0	-2032.1	473.9
7	-2246.4	-2030.4	432.0	8	-2262.6	-2030.7	463.8	9	-2268.5	-2032.2	472.5
7	-2250.5	-2028.1	444.8	8	-2266.1	-2030.2	471.8	9	-2269.6	-2030.8	477.5
7	-2251.1	-2028.7	444.7	8	-2260.5	-2029.1	462.8	9	-2268.4	-2031.6	473.7
10	-2284.6	-2033.5	502.1								
10	-2284.7	-2034.2	501.0								
10	-2275.2	-2034.1	482.2								
10	-2275.1	-2033.9	482.4								
10	-2283.7	-2033.7	500.0								
10	-2275.1	-2033.5	483.1								
10	-2279.4	-2034.2	490.4								
10	-2282.1	-2034.3	495.8								
10	-2280.6	-2033.6	494.1								
10	-2276.0	-2032.6	486.8								

Tabla A11. **Análisis Bayesiano de la Estructura Poblacional para 10 entradas pertenecientes a Yungas.** Estimaciones de probabilidad media y valores de Delta K para valores de K poblaciones entre 1 y 10 para 10 repeticiones por K. $\ln P(D)$ = logaritmo natural de la probabilidad de los datos. En amarillo se resalta el mayor valor encontrado.

K	Reps	$\ln P(D)$ Medio	Desvio	$\ln'(D)$	$\ln''(D)$	Delta K
1	10	-2323.680000	0.078881	—	—	—
2	10	-2240.980000	0.379473	82.700000	26.490000	69.807279
3	10	-2184.770000	0.490011	56.210000	70.640000	144.159930
4	10	-2199.200000	3.271085	-14.430000	1.670000	0.510534
5	10	-2211.960000	1.825864	-12.760000	10.130000	5.548060
6	10	-2234.850000	1.786524	-22.890000	8.190000	4.584322
7	10	-2249.550000	2.553538	-14.700000	2.200000	0.861550
8	10	-2262.050000	2.406588	-12.500000	2.200000	0.914157
9	10	-2272.350000	3.899359	-10.300000	3.000000	0.769357
10	10	-2279.650000	4.053873	-7.300000	—	—

Análisis de estructura bayesiana conjunto de maíces de los Valles y Yunga

Tabla A12. Análisis bayesiano de estructura poblacional para 50 entradas de maíz. Estimaciones de probabilidad para valores de K poblaciones entre 1 y 15 para 10 repeticiones por K. LnP(D) =logaritmo natural de la probabilidad de los datos.

K	LnP(D)	Media de LnP(D)	Varianza de LnP(D)	K	LnP(D)	Media de LnP(D)	Varianza de LnP(D)	K	LnP(D)	Media de LnP(D)	Varianza de LnP(D)
1	-27679.7	-27630.4	98.6	2	-26717.1	-26525.8	382.6	3	-26434.6	-26122.9	623.5
1	-27679.8	-27630.4	98.8	2	-26716.8	-26525.9	381.7	3	-26522.7	-26144.5	756.4
1	-27679.8	-27630.4	98.8	2	-26716.2	-26525.8	380.9	3	-26524.3	-26144.9	758.8
1	-27679.7	-27630.4	98.7	2	-26717.3	-26525.9	382.9	3	-26433.5	-26122.5	622.1
1	-27679.7	-27630.4	98.7	2	-26717.4	-26525.9	382.9	3	-26525.7	-26145.4	760.6
1	-27679.8	-27630.4	98.8	2	-26716.9	-26525.9	382.0	3	-26525.5	-26144.7	761.7
1	-27679.8	-27630.3	98.9	2	-26716.7	-26526.1	381.2	3	-26520.3	-26144.8	751.1
1	-27679.6	-27630.3	98.5	2	-26717.4	-26525.9	383.1	3	-26524.4	-26144.7	759.4
1	-27679.7	-27630.4	98.7	2	-26716.8	-26525.8	382.0	3	-26434.1	-26122.7	622.7
1	-27679.9	-27630.4	99.0	2	-26716.3	-26525.9	380.8	3	-26524.8	-26144.5	760.6
4	-26208.0	-25757.4	901.2	5	-26134.3	-25521.1	1226.2	6	-25983.5	-25294.6	1377.8
4	-26208.5	-25757.6	901.7	5	-26066.9	-25518.6	1096.8	6	-25977.7	-25293.1	1369.1
4	-26210.7	-25757.6	906.3	5	-26078.6	-25520.9	1115.5	6	-25979.4	-25293.4	1372.0
4	-26212.2	-25757.5	909.4	5	-26084.4	-25519.5	1129.8	6	-25981.0	-25293.9	1374.1
4	-26210.9	-25757.6	906.5	5	-26062.6	-25519.6	1086.0	6	-25982.7	-25293.4	1378.6
4	-26209.8	-25757.4	904.8	5	-26079.7	-25518.6	1122.1	6	-25982.5	-25293.7	1377.6
4	-26208.0	-25757.2	901.6	5	-26082.6	-25520.9	1123.5	6	-25987.3	-25294.0	1386.4
4	-26208.4	-25757.5	901.7	5	-26064.6	-25520.0	1089.1	6	-25997.5	-25295.2	1404.6
4	-26209.4	-25757.7	903.3	5	-26076.7	-25517.9	1117.5	6	-25974.7	-25293.2	1362.9
4	-26210.1	-25758.0	904.1	5	-26069.0	-25517.6	1102.9	6	-26002.2	-25296.1	1412.2
7	-25944.6	-25155.3	1578.5	8	-25929.9	-25007.6	1844.6	9	-25911.4	-24865.1	2092.5
7	-25937.8	-25153.0	1569.6	8	-25918.6	-25008.6	1819.9	9	-25944.8	-24899.9	2089.7
7	-25940.9	-25154.1	1573.6	8	-25937.3	-25008.3	1858.0	9	-25946.9	-24869.5	2154.8
7	-25945.3	-25156.7	1577.2	8	-25940.2	-25008.0	1864.4	9	-26046.5	-24895.5	2302.0
7	-25948.6	-25156.4	1584.4	8	-25927.9	-25009.0	1837.9	9	-25909.6	-24865.5	2088.2
7	-25960.0	-25153.1	1613.7	8	-25929.8	-25008.8	1842.0	9	-25977.4	-24868.2	2218.3
7	-25946.9	-25156.1	1581.7	8	-25929.7	-25008.6	1842.3	9	-25982.7	-24897.2	2170.9
7	-25944.9	-25153.5	1582.8	8	-25934.3	-25009.1	1850.4	9	-25912.4	-24864.8	2095.3
7	-25942.9	-25155.9	1574.0	8	-25931.9	-25007.4	1849.0	9	-25939.3	-24900.2	2078.2
7	-25954.8	-25156.4	1596.8	8	-25932.8	-25009.4	1846.9	9	-25945.4	-24899.2	2092.2
10	-25897.1	-24767.1	2260.1	11	-26015.4	-24734.9	2561.0	12	-26241.4	-24704.1	3074.6
10	-25958.5	-24785.4	2346.1	11	-26024.6	-24735.8	2577.6	12	-26146.7	-24697.6	2898.3
10	-25903.2	-24767.4	2271.5	11	-26190.7	-24735.6	2910.2	12	-26002.5	-24695.0	2614.9
10	-25898.1	-24766.6	2263.0	11	-26098.8	-24737.2	2723.3	12	-26173.3	-24697.5	2951.5
10	-25896.3	-24766.8	2258.9	11	-26029.4	-24737.7	2583.3	12	-26007.6	-24695.1	2625.1
10	-25904.8	-24766.2	2277.1	11	-26024.6	-24733.1	2583.0	12	-26022.7	-24694.5	2656.3
10	-25896.7	-24766.7	2259.9	11	-26173.0	-24735.2	2875.5	12	-26012.8	-24694.2	2637.2
10	-25894.0	-24766.7	2254.7	11	-26016.3	-24736.1	2560.4	12	-26399.0	-24705.3	3387.5
10	-25896.7	-24767.0	2259.3	11	-25923.2	-24715.1	2416.1	12	-26254.6	-24706.5	3096.3
10	-25898.5	-24767.5	2261.9	11	-26010.2	-24719.7	2581.1	12	-26201.5	-24700.0	3002.9
13	-26237.7	-24698.5	3078.3	14	-26396.9	-24723.0	3347.7	15	-26436.7	-24736.0	3401.4
13	-26213.2	-24701.7	3023.1	14	-26345.1	-24717.9	3254.4	15	-26483.6	-24737.2	3492.8
13	-26308.5	-24700.1	3216.9	14	-26365.0	-24715.0	3299.9	15	-26492.0	-24737.8	3508.4
13	-26302.2	-24668.5	3267.3	14	-26358.9	-24709.1	3299.6	15	-26378.9	-24738.2	3281.4
13	-26265.2	-24700.0	3130.5	14	-26421.0	-24721.4	3399.2	15	-26386.9	-24735.6	3302.5
13	-26282.0	-24700.1	3163.8	14	-26379.7	-24712.2	3335.0	15	-26506.8	-24694.5	3624.7
13	-26270.1	-24701.4	3137.4	14	-26423.9	-24706.9	3434.0	15	-26365.7	-24738.0	3255.5
13	-26259.2	-24702.7	3112.9	14	-26419.2	-24677.2	3484.1	15	-26475.4	-24738.6	3473.5
13	-26329.5	-24698.3	3262.2	14	-26341.4	-24718.1	3246.5	15	-26376.4	-24735.2	3282.4
13	-26193.1	-24700.7	2984.7	14	-26307.5	-24714.3	3186.3	15	-26446.2	-24734.8	3422.9

Tabla A13. **Análisis Bayesiano de la Estructura Poblacional para 50 entradas de maíz.** Estimaciones de probabilidad media y valores de Delta K para valores de K poblaciones entre 1 y 15 para 10 repeticiones por K. LnP(D)= logaritmo natural de la probabilidad de los datos. En amarillo se resalta el mayor valor encontrado.

K	Reps	LnP(D) Medio	Desvio	Ln'(D)	Ln''(D)	Delta K
1	10	-27679.750000	0.084984	—	—	—
2	10	-26716.890000	0.422821	962.860000	742.960000	1757.149306
3	10	-26496.990000	43.449369	219.900000	67.490000	1.553302
4	10	-26209.600000	1.404754	287.390000	157.730000	112.283018
5	10	-26079.940000	20.602168	129.660000	34.570000	1.677979
6	10	-25984.850000	8.677461	95.090000	56.910000	6.558370
7	10	-25946.670000	6.523811	38.180000	22.750000	3.487225
8	10	-25931.240000	5.834800	15.430000	35.830000	6.140742
9	10	-25951.640000	41.917358	-20.400000	67.650000	1.613890
10	10	-25904.390000	19.288883	47.250000	193.480000	10.030648
11	10	-26050.620000	80.975234	-146.230000	50.640000	0.625376
12	10	-26146.210000	133.924377	-95.590000	24.270000	0.181222
13	10	-26266.070000	42.650675	-119.860000	10.070000	0.236104
14	10	-26375.860000	39.290349	-109.790000	50.790000	1.292684
15	10	-26434.860000	53.979177	-59.000000	—	—

