



ESCUELA DE DOCTORADO INTERNACIONAL
DE LA USC

Mariana Jimena
Ferreyra

Tesis doctoral

CARACTERIZACIÓN AGROMORFOLÓGICA,
GENOTÍPICA Y ECOGEOGRÁFICA DE
POBLACIONES SILVESTRES Y VARIEDADES
LOCALES DE PHASEOLUS VULGARIS L.
DEL NOROESTE DE ARGENTINA

Lugo, 2025

TESIS DOCTORAL

**CARACTERIZACIÓN
AGROMORFOLÓGICA, GENOTÍPICA Y
ECOGEOGRÁFICA DE POBLACIONES
SILVESTRES Y VARIEDADES LOCALES DE
PHASEOLUS VULGARIS L. DEL
NOROESTE DE ARGENTINA**

Autora

Mariana Jimena Ferreyra

Directores: Antonio M. De Ron Pedreira, Marta Galván, María Rosa Mosquera Losada

Tutora: María Rosa Mosquera Losada

AGRADECIMIENTOS

Al Dr. Antonio M. De Ron Pedreira, la Dra. María Rosa Mosquera Losada y la Dra. Marta Galván, por las oportunidades brindadas, su acompañamiento continuo y sus aportes a mi formación profesional y al desarrollo de este trabajo.

A la Dra. María del Carmen Menéndez Sevillano, por tantos años de aprendizaje, por todo el camino recorrido y por transmitirme el cariño por las judías y los recursos fitogenéticos.

A la Misión Biológica de Galicia (MBG, Pontevedra, España), el Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC, España), la Universidad de Santiago de Compostela (USC, Lugo, España) y al Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA, Argentina) por permitirme realizar este doctorado y llevar adelante el trabajo de investigación.

Al personal del Banco de Germoplasma de la EEA INTA Salta, por la colaboración brindada y el trabajo cotidiano.

A la Lic. Yanina Noe, por su apoyo en la elaboración de imágenes incluidas en esta tesis.

A Roberto, por su amor incondicional y por ser mi sostén durante todos estos años y a nuestras pequeñas, Lis, Raissa y Lianne, por ser la razón que nos hace sonreír y ser felices cada día.

A mis padres y mis hermanos, por brindarme siempre su apoyo y por impulsarme a seguir avanzando.

RESUMEN

La judía o poroto común, *Phaseolus vulgaris* L., es la especie del género *Phaseolus* de mayor importancia a nivel mundial. Es una leguminosa anual, diploide, predominantemente autógama y de gran valor nutricional. Las provincias del Noroeste de Argentina (NOA) representan el límite sur del centro Andino de domesticación de la judía y albergan un gran número poblaciones silvestres y de variedades locales de *P. vulgaris*, que contienen una importante diversidad genética de la especie, y muchas de ellas se encuentran bajo el riesgo de erosión genética. Por esta razón, es importante contar con colecciones conservadas y evaluadas que puedan resguardar la mayor cantidad de diversidad posible y que se encuentre disponible para su uso.

El objetivo de este trabajo fue evaluar la diversidad presente en el germoplasma de *Phaseolus vulgaris* L. del NOA para aportar conocimiento, valorizar y contribuir a la conservación de esta especie, a partir de la caracterización de poblaciones silvestres y variedades locales, y de la evaluación del flujo génico entre poblaciones silvestres del acervo génico Andino y variedades comerciales. Se estudiaron 236 accesiones del NOA (142 poblaciones silvestres y 94 variedades locales) que se analizaron empleando caracteres agromorfológicos y marcadores moleculares microsatélites o *Simple Sequence Repeats* (SSR). Las variables agromorfológicas que más contribuyeron a la diferenciación entre ambos grupos fueron: los caracteres de vaina y semilla, el peso de 100 semillas, inicio de floración, días a madurez, el promedio de vainas totales y el rendimiento. Las variedades locales presentaron mayor variación fenotípica que las poblaciones silvestres en el 88% de los caracteres evaluados sugiriendo que los agricultores de la zona habrían ejercido presiones de selección orientadas a diversos usos, generando dicha variabilidad. Además, se identificaron accesiones con características intermedias que podrían ser el resultado del cruzamiento entre judías silvestres y domesticadas, las que se denominan “weedy type” o judías tipo maleza. Estas presentaron características que las convierten en materiales promisorios para ser incluidos en programas de mejora.

Para la caracterización genotípica se seleccionaron 115 genotipos (68 silvestres y 47 locales) que se evaluaron utilizando 10 marcadores SSR. La presencia de alelos únicos, las distintas combinaciones alélicas observadas, la diferencia en las frecuencias alélicas en cada uno de los grupos y las diferencias significativas observadas a partir del análisis molecular de la varianza apoyan la existencia de gran variabilidad en la colección analizada por lo que la conservación de ambos tipos de germoplasma es beneficiosa y permitiría ampliar la base genética disponible para los programas de mejora. La asignación de los genotipos clasificados como silvestres o variedades locales a partir del análisis bayesiano fue congruente con lo observado a partir de los datos morfológicos, con la excepción de diez individuos que fueron considerados híbridos por presentar cierto grado de mezcla. Los resultados sugieren que los genotipos procedentes de Santa Victoria Oeste, en la provincia de Salta, podrían corresponder a poblaciones que surgieron a partir del cruzamiento entre judías silvestres y germoplasma cultivado.

También se analizaron 16 variables ecogeográficas (cinco bioclimáticas, cuatro geofísicas y siete edáficas) que pueden asociarse a la distribución de las poblaciones de *P. vulgaris* en el NOA. Las accesiones evaluadas se distribuyeron, según los sitios de recolección, en ocho de las 22 categorías ecogeográficas establecidas. A partir de la elaboración de un mapa de diversidad ecogeográfica se observó que para las poblaciones silvestres hubo mayor cantidad de zonas con alta diversidad ecogeográfica, en comparación con las variedades locales. Sin embargo, la información obtenida para ambos grupos de germoplasma es complementaria y útil

para conocer el patrón de diversidad ecogeográfica de la especie *P. vulgaris*. Los resultados indican que las colectas realizadas permitieron reunir una importante diversidad tanto ecogeográfica, agromorfológica y genotípica y, además, que los sitios con mayores niveles de diversidad genética pueden ser considerados como prioritarios para la conservación *in situ*. Por otro lado, la diversidad observada dentro de las poblaciones silvestres evaluadas sugiere la posible ocurrencia de flujo génico entre poblaciones silvestres próximas geográficamente. Si bien la distancia geográfica es un factor que tiene implicaciones en el nivel de introgresión génica y debe ser considerado en las estrategias de conservación de la especie, también es importante tener en cuenta el grupo o forma (silvestre o domesticado) al que pertenece el germoplasma sujeto a los cruzamientos.

La información resultante de la caracterización agromorfológica, genotípica y ecogeográfica realizada en este trabajo es complementaria y permitió realizar una descripción más completa de la agrobiodiversidad existente en las poblaciones silvestres y las variedades locales evaluadas de judía en la región del NOA. Esta será utilidad también para desarrollar estrategias de conservación efectivas y eficientes y optimizar el uso de los recursos.

SUMMARY

The common bean, *Phaseolus vulgaris* L., is the most important species within the *Phaseolus* genus worldwide. It is an annual legume, diploid, primarily self-pollinating, and highly nutritious. The northwestern provinces of Argentina (NOA) represent the southernmost limit of the Andean domestication center for this bean and host many wild populations and local varieties or landraces of *P. vulgaris*, which hold significant genetic diversity of the species, many of which are at risk of genetic erosion. Therefore, it's essential to have conserved and evaluated collections that can safeguard as much diversity as possible and be available for use.

This research aimed to assess the diversity present in the germplasm of *Phaseolus vulgaris* L. from NOA to enhance our understanding, increase its value, and contribute to the conservation of this species. The study involved characterizing wild populations and local varieties and evaluating gene flow between wild populations of the Andean genetic pool and commercial varieties. Two hundred thirty-six accessions from the NOA (142 wild populations and 94 local varieties) were studied using agromorphological traits and molecular markers, specifically microsatellite *Simple Sequence Repeats* (SSR).

The agromorphological variables that contributed most to the differentiation between the two groups were: pod and seed traits, weight of 100 seeds, flowering onset, days to maturity, total number of pods, and yield. Local varieties exhibited greater phenotypic variation than wild populations in 88% of the evaluated traits, suggesting that local farmers have applied selective pressures geared towards various uses, resulting in this variability.

Moreover, accessions with intermediate characteristics were identified, which could result from crossbreeding between wild beans and domesticated varieties, referred to as “weedy types”. These accessions showed traits that make them promising candidates for inclusion in breeding programs. One hundred and fifteen genotypes were selected (68 wild and 47 local varieties) for genotypic characterization and evaluated using 10 SSR markers. The presence of unique alleles, the different observed allelic combinations, the differences in allele frequencies in each group, and the significant differences observed from the molecular variance analysis support the existence of great variability in the analyzed collection. This underscores the importance of conserving both types of germplasm to expand the genetic base available for breeding programs.

The classification of genotypes as wild or local varieties based on Bayesian analysis was consistent with the morphological data, except for ten individuals classified as hybrids due to a certain degree of mixing. Results indicated that genotypes from Santa Victoria Oeste, in the province of Salta, could correspond to populations that arose from crossbreeding between wild beans and cultivated germplasm.

Furthermore, 16 ecogeographical variables (five bioclimatic, four geophysical, and seven edaphic) were analyzed, which may be associated with the distribution of *P. vulgaris* populations in northwestern Argentina. The evaluated accessions were categorized into eight of the established 22 ecogeographical categories based on their collection sites.

Through the development of a map of eco-geographic diversity, it was observed that wild populations exhibited more areas of high eco-geographic diversity compared to local varieties. However, the information obtained for both germplasm groups is complementary and useful for understanding the pattern of eco-geographic diversity in *P. vulgaris*. The findings indicate that the collections gathered significant diversity concerning eco-geographic, agromorphological, and genotypic aspects, highlighting that sites with higher levels of genetic diversity should be considered priority areas for in situ conservation.

Additionally, the diversity observed within wild populations suggests a potential occurrence of gene flow between geographically close populations. While geographic distance influences the level of gene introgression and should be considered in conservation strategies, it is equally important to consider the type (wild or domesticated) of the germplasm involved in crossings. The data gathered from the agromorphological, genotypic, and ecogeographic characterization conducted in this study provides a comprehensive understanding of the existing agrobiodiversity in the evaluated wild populations and local varieties of beans in the NOA region. This information will also assist in developing effective conservation strategies and optimizing resource use.

RESUMO

O feixón común, *Phaseolus vulgaris* L., é a especie máis importante do xénero *Phaseolus* en todo o mundo. É unha leguminosa anual, diploide, predominantemente autógena e de gran valor nutricional. As provincias do Noroeste de Arxentina (NOA) representan o límite sur do centro Andino de domesticación do feixón e albergan un gran número de poboacións silvestres e variedades locais de *P. vulgaris*, que conteñen unha importante diversidade xenética da especie, e moitas están en risco de erosión xenética. Por iso, é importante ter coleccións conservadas e avaliadas que poidan salvagardar a maior diversidade posible e que estean dispoñibles para o seu uso.

O obxectivo deste traballo foi avaliar a diversidade presente no xermoplasma de *Phaseolus vulgaris* L. do NOA para achegar coñecemento, valorar e contribuír á conservación desta especie, a partir da caracterización das poboacións silvestres e das variedades locais, e da avaliación do fluxo xenético entre as poboacións silvestres do acervo xenético Andino e as variedades comerciais. Estudáronse 236 entradas do NOA (142 poboacións silvestres e 94 variedades locais) que se analizaron mediante caracteres agromorfolóxicos e marcadores moleculares microsátélites ou Simple Sequence Repeats (SSR). As variables agromorfolóxicas que máis contribuíron á diferenciación entre ambos grupos foron: caracteres de vaina e semente, peso de 100 sementes, inicio da floración, días de maduración, número medio de vainas totais e rendemento. As variedades locais presentaron unha maior variación fenotípica que as poboacións silvestres no 88% dos caracteres avaliados, o que suxire que os agricultores da zona exercerían presións de selección dirixidas a diversos usos, xerando dita variabilidade. Ademais, identificáronse accesións con características intermedias que poderían ser o resultado do cruzamento entre feixóns silvestres e domesticadas, que reciben o nome de “weedy type” ou tipo maleza. Estes presentaron características que os converten en materiais prometedores para ser incluídos en programas de mellora.

Para a caracterización xenotípica, seleccionáronse 115 xenotipos (68 variedades silvestres e 47 locais) avaliados mediante 10 marcadores SSR. A presenza de alelos únicos, as diferentes combinacións alélicas observadas, a diferenza de frecuencias alélicas en cada un dos grupos e as diferenzas significativas observadas a partir da análise molecular da varianza avalan a existencia dunha gran variabilidade na colección analizada, polo que a conservación de ambos tipos de xermoplasma son beneficiosos e permitirían ampliar a base xenética dispoñible para programas de mellora. A asignación de xenotipos clasificados como variedades silvestres ou locais a partir da análise bayesiana foi coherente co observado a partir dos datos morfolóxicos, a excepción de 10 individuos que se consideraron híbridos por presentar certo grao de mestura. Os resultados suxiren que os xenotipos de Santa Victoria Oeste, na provincia de Salta, poderían corresponder a poboacións que xurdiron do cruzamento entre feixóns silvestres e xermoplasma cultivado.

Tamén se analizaron 16 variables ecoxeográficas (cinco bioclimáticas, catro xeofísicas e sete edáficas) que poden asociarse á distribución das poboacións de *P. vulgaris* no NOA. As accesións avaliadas distribuíronse, segundo os lugares de recollida, en oito das 22 categorías ecoxeográficas establecidas. A partir da elaboración dun mapa de diversidade ecoxeográfica observouse que para as poboacións silvestres existía un maior número de áreas con alta diversidade ecoxeográfica, en comparación coas variedades locais. Non obstante, a información obtida para ambos os grupos de xermoplasma é complementaria e útil para coñecer o patrón de diversidade ecoxeográfica da especie *P. vulgaris*. Os resultados indican que as recollidas realizadas permitiron reunir unha importante diversidade ecoxeográfica, agromorfolóxica e

xenotípica e, ademais, que os lugares con maiores niveis de diversidade xenética poden ser considerados prioritarios para a conservación in situ. Por outra banda, a diversidade observada dentro das poboacións silvestres avaliadadas suxire a posible aparición de fluxo xenético entre poboacións silvestres xeograficamente próximas. Aínda que a distancia xeográfica é un factor que ten implicacións para o nivel de introgresión xenética e debe ser considerado nas estratexias de conservación das especies, tamén é importante ter en conta o grupo ou a forma (silvestre ou domesticada) á que pertence o xermoplasma obxecto de cruzamentos .

A información resultante da caracterización agromorfolóxica, xenotípica e ecoxeográfica realizada neste traballo é complementaria e permitiu realizar unha descrición máis completa da agrobiodiversidade existente nas poboacións silvestres e das variedades locais de feixón avaliadadas na rexión do NOA. Isto tamén será útil para desenvolver estratexias de conservación eficaces e eficientes e optimizar o uso dos recursos.

Lista de abreviaturas y símbolos

1raCoP: Primera coordenada principal
2daCoP: Segunda coordenada principal
ABF: Angulo basal de foliolo
ABR: Ancho de la bractéola
ACB: Análisis de correlaciones bivariadas
ACoP: Análisis de coordenadas principales
ACP: Análisis de componentes principales
ADN: Ácido desoxirribonucleico
AF: Ancho del foliolo
AFLP, Amplified Fragment Length Polymorphism: polimorfismos en la longitud de los fragmentos amplificados
AMOVA: Análisis de varianza molecular
ANOVA: Análisis de la varianza
AS: Ancho de la semilla
AV: Ancho de la vaina
BANO: Banco Activo de Germoplasma del Noroeste Argentino
CGIAR. Consultative Group on International Agricultural Research. Grupo Consultivo para la Investigación Agrícola Internacional.
CIAT: Centro Internacional de Agricultura Tropical, Colombia
cmol/kg: centimol por kilogramo
CP1: Primer componente principal
CP2: Segundo componente principal
CTAB: Cetyl Trimethyl Ammonium Bromide. Bromuro de cetiltrimetilamonio
CV: Coeficiente de variación
Dd: Coeficiente de distancia de Dice
dS/m: deciSiemens por metro
EDTA: Ethylenediaminetetraacetic acid. Ácido etilendiaminotetraacético
EEA: Estación Experimental Agropecuaria
ELC: Ecogeographic Land Characterization. Caracterización ecogeográfica del terreno
EST-SSR: expressed sequence tag-simple sequence repeat. Etiquetas de secuencia expresada de microsátélites
F: Índice de Fijación
FAO: Food and Agriculture Organization. Organización de las Naciones Unidas para la Alimentación y la Agricultura
FBR: Forma de la bractéola
FF: Forma del foliolo
GIS: Geographic information systems
GL: Grupo de ligamiento
GS: Grosor de la semilla
GV: Grosor de la vaina
H: Híbridos putativos
He: Heterocigosidad esperada
Ho: Heterocigosidad observada
I: Índice de información de Shannon
IBPGR: International Board for Plant Genetic Resources. Consejo Internacional de Recursos Fitogenéticos
IFL: Inicio de floración
IGN: Instituto Geográfico Nacional
INTA: Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria
IPGRI: International Plant Genetic Resources Institute. Instituto Internacional de Recursos Fitogenéticos

K: número óptimo de grupos
LBF: Longitud basal del foliolo central
LBR: Longitud de la bractéola
LF: Longitud del foliolo central
LnP(D): Estimación media de la probabilidad posterior de los datos
LS: Longitud de la semilla
LV: Longitud de la vaina
MAD: Madurez total
MCMC: Markov chain Monte Carlo. Métodos de cadenas de Markov Monte Carlo
Mm: milímetros
mM: milimolar
msnm: metros sobre el nivel del mar
Na: número de alelos
NBR: Numero de nervaduras de la bractéola
Ne: número de alelos efectivos
NJ: Neighbor Joining
Nm: número de migrantes
NOA: noroeste argentino
OTU: Operational taxonomic unit. Unidad taxonómica de estudio
P100S: Peso de 100 semillas
pb: pares de bases
PCR: Polymerase Chain Reaction. Reacción en cadena de la polimerasa
PIC: Polymorphism information content. Contenido de Información Polimórfica
Q: Probabilidad de asignación según el programa STRUCTURE
RAPD: Random Amplified Polymorphic DNA: fragmentos polimórficos amplificados al azar
REND: Rendimiento
RF: Random Forest
RFLP: Restriction Fragment Length Polymorphism: polimorfismos en la longitud de los fragmentos de restricción
rpm: revoluciones por minuto
S/V: Numero de semillas por vaina
S_D: Coeficiente de similitud de Dice
SIG: Sistema de información geográfica
SNP: Single Nucleotide Polymorphism. Polimorfismos de un solo nucleótido
SSR, Simple Sequence Repeats: microsatélites o secuencias simples repetidas
TE: Tris EDTA
TS: Tamaño de la semilla
UPGMA: unweighted pair group method using arithmetic average. Agrupamiento del ligamiento promedio utilizando la media aritmética no ponderada
VTOT: Promedio de vainas totales

INDICE

1	INTRODUCCIÓN.....	1
1.1	Origen y acervos génicos.....	1
1.2	Descripción botánica de la forma silvestre.....	3
1.3	Domesticación de la judía común.....	4
1.4	Importancia del cultivo de la judía común.....	6
1.4.1	Factores que limitan el cultivo de judía.....	7
1.4.2	El cultivo de judía en la Argentina.....	7
1.5	Uso de los recursos fitogenéticos nativos.....	8
1.6	Conservación de los recursos fitogenéticos.....	9
1.6.1	Colecta de germoplasma.....	10
1.6.2	Caracterización.....	11
1.7	Aplicación de SIG en la conservación de germoplasma.....	14
1.7.1	Caracterización ecogeográfica.....	15
1.8	Justificación y objetivos del trabajo.....	16
2	OBJETIVOS.....	18
2.1	Objetivo general.....	18
2.1.1	Objetivos específicos.....	18
3	MATERIALES Y MÉTODOS.....	19
3.1	Material biológico.....	19
3.2	Caracterización agromorfológica.....	21
3.2.1	Localización de los ensayos.....	21
3.2.2	Diseño de parcelas y labores culturales.....	22
3.2.3	Caracteres agromorfológicos estudiados.....	22
3.2.4	Análisis de datos.....	25
3.3	Caracterización genotípica.....	26
3.3.1	Cultivo de plántulas.....	27
3.3.2	Extracción de ADN.....	27
3.3.3	Selección de marcadores microsatélites.....	27
3.3.4	Reacciones de amplificación por PCR.....	27
3.3.5	Análisis de datos.....	28
3.4	Caracterización ecogeográfica.....	30
3.4.1	Elaboración de un mapa de caracterización ecogeográfica del terreno.....	31
3.4.2	Análisis espacial de la diversidad.....	32
3.5	Análisis de flujo génico.....	33
4	RESULTADOS.....	36
4.1	Caracterización agromorfológica.....	36
4.1.1	Análisis univariado.....	36
4.1.2	Análisis multivariado.....	40
4.2	Caracterización genotípica.....	45
4.2.1	Diversidad genética.....	45
4.2.2	Estructura genética.....	49
4.2.3	Relaciones genéticas.....	53
4.3	Caracterización ecogeográfica.....	56
4.3.1	Análisis espacial de la diversidad ecogeográfica.....	58
4.3.2	Análisis espacial de la diversidad agromorfológica.....	60

4.3.3	Análisis espacial de la diversidad genética	62
4.4	Análisis de flujo génico entre poblaciones silvestres y variedades comerciales.	64
4.4.1	Diversidad morfológica en caracteres de semilla	64
4.4.2	Análisis de la diversidad genética	68
4.4.3	Estructura genética	71
4.4.4	Relaciones genéticas.....	73
5	DISCUSIÓN.....	74
5.1	Caracterización agromorfológica.....	74
5.1.1	Poblaciones silvestres.....	74
5.1.2	Variedades locales	76
5.1.3	Comparación entre poblaciones silvestres y variedades locales	78
5.2	Caracterización genotípica.....	84
5.2.1	Diversidad genética	84
5.2.2	Comparación de germoplasma silvestre y variedades locales	85
5.3	Caracterización ecogeográfica.....	89
5.4	Análisis de flujo génico	92
6	CONCLUSIONES.....	95
7	REFERENCIAS	96

1 INTRODUCCIÓN

1.1 ORIGEN Y ACERVOS GÉNICOS

El género *Phaseolus* es de origen americano y comprende más de 400 especies (Freytag y Debouck, 2002) de las cuales cinco han sido domesticadas: *Phaseolus vulgaris* L. (judía o poroto común), *P. coccineus* L. (judía pinta o poroto pallar), *P. lunatus* L. (judía de lima o frijol ancho), *P. acutifolius* A. Gray (frijol tepari) y *P. polyanthus* Greenman. *Phaseolus vulgaris* es la especie de mayor importancia a nivel mundial, ocupando un 80% de la superficie cultivada del género *Phaseolus* (Singh, 1992; 1999). Taxonómicamente se clasifica dentro del Reino Plantae, Filo Tracheophyta, Clase Magnoliopsida, Orden Fabales, Familia Fabaceae (United States Department of Agriculture [USDA], 2024). Las leguminosas son un conjunto de especies pertenecientes a la familia Fabaceae, que se diferencian por rasgos morfológicos muy característicos como es la presencia de semillas contenidas en una vaina constituyendo el fruto o legumbre. La FAO considera legumbres a los cultivos leguminosos con semillas comestibles secas y con bajo contenido en grasa (FAO, 2016a). Son una fuente rica de proteínas y aminoácidos esenciales que sirve de complemento a los cereales. Aportan una cantidad importante de hidratos de carbono y micronutrientes, así como fibra alimentaria de calidad (FAO, 2016b). Además, la capacidad de fijación de nitrógeno de muchas leguminosas proporciona una fuente importante de nitrógeno biológico en la agricultura y en los ecosistemas naturales, beneficiando la productividad agrícola sostenible y brindando servicios ecosistémicos esenciales (Foresto, 2021). Las legumbres son clave en la seguridad nutricional de grandes grupos de población, constituyendo la principal fuente de proteínas en muchos países en desarrollo que obtienen las proteínas y la energía de fuentes vegetales, mientras que, en los países desarrollados, donde el consumo de legumbres había ido disminuyendo con los años, la incorporación de alimentos saludables ha favorecido el incremento de su consumo (Olmedilla-Alonso *et al.*, 2010, FAO, 2016a) El origen de *P. vulgaris*, la judía o poroto común, se determinó a partir de datos arqueológicos, botánicos, históricos y lingüísticos a finales del siglo XIX, indicando su origen en el área comprendida entre el norte de México y el noroeste de Argentina (Gepts y Debouck, 1991). Los registros más antiguos datan de 10.000 a 8.000 años antes de la actualidad y fueron encontrados en Callejón de Huaylas (Ancash, Perú) y en Huachichocana (Jujuy, Argentina) (Kaplan *et al.*, 1973; Tarrago, 1980).

A partir de su origen americano, se han reconocido dos acervos génicos ecogeográficos principales, el Mesoamericano y el Andino (Figura 1.1), caracterizados por un aislamiento reproductivo parcial (Bitocchi *et al.*, 2012).

La domesticación tuvo lugar posteriormente a la formación de estos acervos, evidenciándose su estructura tanto en las judías silvestres como en las domesticadas. Estos acervos han sido reconocidos gracias a estudios basados en caracteres morfológicos y agronómicos (Delgado-Salinas *et al.*, 1988; Singh *et al.*, 1991a), proteínas de reserva de la semilla (Gepts y Bliss, 1986) y distintos tipos de marcadores moleculares (Velasquez y Gepts, 1994; Freyre *et al.*, 1996; Papa y Gepts, 2003; Kwak y Gepts, 2009; Rossi *et al.*, 2009; Angioi *et al.*, 2010) (Tabla 1.1). Algunas de las características morfológicas que los distinguen incluyen la forma y tamaño del foliolo, la longitud del quinto internodo, el tamaño y forma de la bractéola y el tamaño de la semilla (Debouck, 1991; Singh *et al.*, 1991a; 1991b).



Figura 1.1. Acervos génicos de *P. vulgaris* (Adaptado de De Ron *et al.*, 2015, Mapa del continente americano Fuente: Instituto Geográfico Nacional de la República Argentina con licencia CC BY-SA 4.0, descargado el 05 de setiembre de 2025 <https://www.ign.gov.ar/AreaServicios/Descargas/MapasEscolares>).

Tabla 1.1. Caracteres diferenciadores de las judías de los centros Mesoamericano y Andino (Adaptado de Menéndez-Sevillano, 2002 y Galván, 2006)

Carácter	Acervo Mesoamericano	Acervo Andino	Referencias
Tamaño semilla	Pequeño- mediano < 40 g/100 semillas	Grande > 40 g/100 semillas	Gepts y Bliss, 1986 Singh et al., 1991a
Forma bractéola	Ovalada, acorazonada	Lanceolada, Triangular	Singh y Urrea, 1995 Singh et al., 1991a
Forma foliolo	Ovalada, acorazonada	Lanceolada	Singh et al., 1991a
Tricomas del foliolo	Cortos, dispersos	Largos, densos	Singh et al., 1991a
Base del estandarte	Estriada	Lisa	Singh et al., 1991a
Posición pico vaina	Placentar	Central	Singh et al., 1991a
Faseolina ¹	S, Sb, Sd, B	T, C, H, A	Gepts et al., 1986, Gepts y Bliss, 1986 Singh et al., 1991a Singh et al., 1991b Koenig et al., 1990
Isoenzimas ²	<i>Diap</i> -1 ⁹⁵ , <i>Lap</i> -3 ¹⁰⁰ <i>Rbc</i> ¹⁰⁰ , <i>Skdh</i> ¹⁰³	<i>Diap</i> -1 ¹⁰⁰ , <i>Lap</i> -3 ¹⁰³ <i>Rbc</i> ⁹⁸ , <i>Skdh</i> ¹⁰⁰	Koenig y Gepts, 1989 Singh et al., 1991c

¹ Proteína de almacenamiento de la semilla. Tipos de faseolina nombrados según el lugar o los cultivares en los que se hallaron: T: Tendergreen, C: Contender, S: Sanilac (Sd: Durango, Sb: Brasil), A: Ayacucho, H: Huachichocana, B: Belize. ² *Rbc*: ribulosa bifosfato carboxilasa/oxigenasa, *Skdh*: shikimato deshidrogenasa, *Diap*: diaforasa-1, *Lap*: aminopeptidasa-3 de leucina.

A partir de los dos acervos génicos principales se produjeron dos domesticaciones independientes hace aproximadamente 8000 años atrás, seguidas por adaptaciones locales y nuevas expansiones. Acompañando estos procesos, no sólo disminuyó la diversidad genética de las variedades domesticadas debido a los cuellos de botella asociados a la domesticación, sino que también habrían ocurrido eventos de hibridación y deriva génica entre poblaciones silvestres y domesticadas como sugieren la variación morfológica y los marcadores microsatélites (Rendón-Anaya *et al.*, 2017), desplazando la diversidad genética original en esas poblaciones. Al mismo tiempo, las introgresiones desde los parientes silvestres pueden haber permitido a las variedades domesticadas adquirir caracteres adaptativos.

A pesar de que se ha establecido el origen americano del género *Phaseolus*, el origen geográfico de *P. vulgaris* ha sido fuertemente debatido y a partir de marcadores bioquímicos y moleculares se ha identificado un posible tercer centro de origen y domesticación de ésta especie (judía) localizado en el norte andino de Perú y Ecuador (Kami *et al.*, 1995; Islam *et al.*, 2004)) tal y como muestra la Figura 1.1. A partir de datos genómicos y metabólicos, Rendón-Anaya *et al.* (2017) han propuesto que la naturaleza ancestral de las poblaciones silvestres en el norte de Perú y Ecuador derivarían de un evento de diseminación y especiación que precedió al evento de especiación de *P. vulgaris*, con la posterior división de la especie en dos grandes acervos génicos geográficos (Mesoamericano y Andino) y han proporcionado evidencia de la importancia del flujo génico para esta especie, predominante autógama, permitiendo que las formas domesticadas adquirieran caracteres adaptativos a partir de sus parientes silvestres. Dentro del género *Phaseolus* existen diferentes grupos naturales o pools génicos (Gepts y Debouck, 1991). El pool génico primario de la judía incluye las formas silvestres y cultivadas de *P. vulgaris*, que pueden cruzarse entre ellas y, por tanto, recombinarse sin barreras genéticas relevantes.

1.2 DESCRIPCIÓN BOTÁNICA DE LA FORMA SILVESTRE

La judía (*Phaseolus vulgaris* L.) es una especie anual diploide ($2n = 2X = 22$), predominantemente autógama. Las poblaciones silvestres de judía común (*Phaseolus vulgaris*

L. var. aborigineus (Burkart) Baudet) crecen a lo largo de la cordillera de los Andes, desde México hasta el Noroeste de Argentina. Habita el distrito de las selvas y bosques montanos (Provincia biogeográfica de las Yungas) entre los 1000-2000 msnm, en las provincias de Jujuy, Salta, Tucumán, Catamarca, Córdoba y San Luis (Parodi, 1933; 1966; Berglünd-Brücher y Brücher, 1976; Brücher, 1988; Debouck, 1988; Menéndez-Sevillano *et al.*, 1998)

Son hierbas volubles, anuales, pubescentes, con tricomas hialinos simples, de raíces no engrosadas. Poseen estipulas herbáceas 5-nervadas, hojas alternas, pecioladas, trifoliadas, con inflorescencias en racimos paucifloros, corola de 5 pétalos desiguales, de color rosado. El pétalo más externo es el más ancho y vistoso, llamado estandarte, con un par de pétalos laterales similares entre sí, llamados alas y los dos más internos, también similares entre sí y generalmente fusionados que forman la quilla que presenta un ápice largo y torcido en espiral y que envuelve a los estambres y al ovario. Esta especie posee 10 estambres 10, con nueve filamentos unidos y uno libre. El ovario es angosto y posee un estilo largo y delgado, con pelos hacia el ápice y terminado en un estigma pequeño. Los frutos en forma de legumbres son pendulares, subcilíndricos, rectos a levemente falcados, de 4,5-8,8 cm x 0,5-1 cm y generalmente presentan 5 semillas de contorno subelíptico (Baudet, 1977) tal y como se aprecia en la Figura 1.2.

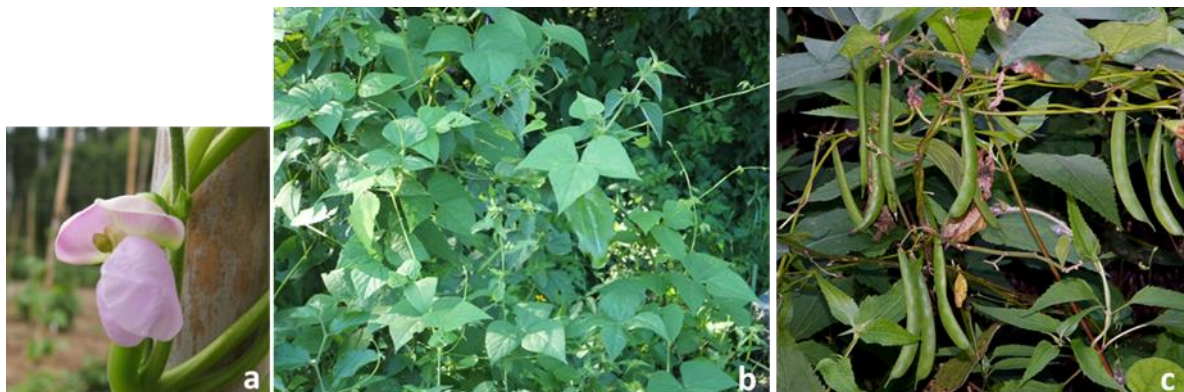


Figura 1.2. Flor (a), planta (b) y vainas (c) de la forma silvestre de *P. vulgaris*

1.3 DOMESTICACIÓN DE LA JUDÍA COMÚN

Las provincias del noroeste argentino constituyen el límite sur del centro Andino de domesticación de la judía (Figura 1.3).

Durante el proceso de domesticación de la judía se produjeron cambios morfológicos y fisiológicos. Las plantas de judía silvestre presentan semillas pequeñas con cubiertas impermeables y dormición, hábito de crecimiento indeterminado y trepador, que producen vainas dehiscentes. La domesticación condujo a plantas de judía que presentan un hábito de crecimiento determinado y arbustivo, semillas grandes, de cubiertas impermeables y sin dormición, que desarrollan en vainas indehiscentes, debido a la reducción de fibras en las vainas (Gepts y Debouck, 1991) (Tabla 1.2). El proceso de domesticación y la posterior selección artificial implicó además la pérdida de pigmentación y reducción del contenido de sustancias tóxicas de la cubierta seminal, que, aunque redujo la protección de las semillas frente a los predadores, resultó en una mejora del sabor (Smartt, 1988).



Figura 1.3. Provincias del noroeste argentino que constituyen el límite sur del Centro Andino de domesticación de *P. vulgaris* (Mapa de Argentina FUENTE: Instituto Geográfico Nacional de la República Argentina, descargado el 26 de setiembre de 2024 <https://www.ign.gov.ar/NuestrasActividades/InformacionGeoespacial/CapasSIG>).

Otros caracteres importantes para la adaptación de la judía a un ambiente cultivado son la pérdida de la dehiscencia de la vaina y de la dormición de la semilla. Además, la modificación de la respuesta al fotoperíodo ha permitido ampliar las áreas de cultivo de esta especie, transformándola de sensible al fotoperíodo en insensible. A este conjunto de cambios morfológicos y fisiológicos que distinguen a las plantas silvestres de las cultivadas se lo conoce como “síndrome de domesticación” y es el resultado de un proceso de selección y adaptación a

ambientes de cultivo que transcurrió continuamente durante miles de años (Koinange *et al.*, 1996; Santalla *et al.*, 2004).

Tabla 1.2. Características morfológicas de las formas silvestres y cultivadas de *Phaseolus vulgaris* (Adaptado de Gepts y Debouck, 1991).

Carácter	Silvestres	Cultivadas
Raíz	Fibrosa, fasciculada	Fibrosa: diferentes tamaños y morfología de acuerdo con el hábito de crecimiento
Tallo	Trepador, multinodal	Trepador o erecto, multinodal o con pocos nudos
Entrenudos	Normalmente largos (10-20 cm)	Variables desde largos a cortos (2-5 cm)
Hojas	Folíolos de pequeños a intermedios	Folíolos pequeños o grandes
Altura de planta	Hasta más de 3 m, plantas de hábito IV indeterminado trepador	Hasta 40 cm, tipo arbustivo; Hasta más de 2 metros, plantas de hábito IV indeterminado trepador
Inflorescencia	Casi siempre lateral, 1 a 2 nudos fértiles	Dependiendo del hábito de crecimiento lateral y/o terminal, normalmente 2 nudos fértiles
Flores	Estandarte reflexo, flores color lila	Estandarte erecto, flores blancas y lilas
Vainas	6 a 8 cm de longitud. Fuertemente dehiscentes, dehiscencia explosiva	4 a 30 cm de longitud. Disminución de la dehiscencia
Semillas	Pequeñas 6 a 10 g/100semillas	De mayor tamaño 20 a 100g/100 semillas

La domesticación es esencialmente un proceso de selección y el tiempo que dura este proceso está supeditado al avance o ganancia genética, lo que depende, en términos evolutivos de la variabilidad genética en las poblaciones silvestres (Gepts y Debouck, 1991). Esto incluye a los caracteres que contribuyen a diferenciar las judías silvestres de las cultivadas, la heredabilidad de estos y la presión de selección ejercida por los primeros agricultores. Gepts y Debouck (1991) señalan que la domesticación de la judía probablemente se produjo en un período de tiempo corto, dependiente principalmente de la intensidad de la presión de selección ejercida durante el proceso de domesticación. Esta hipótesis estaría apoyada por el hecho de que todos los restos arqueológicos encontrados corresponden a judías ya completamente domesticadas.

1.4 IMPORTANCIA DEL CULTIVO DE LA JUDÍA COMÚN

La judía común es el tercer cultivo de leguminosas alimenticias más importante a nivel mundial, después de la soja (*Glycine max* L.) y el maní (*Arachis hypogea* L.) y es la primera leguminosa a nivel mundial para consumo humano directo (De Ron *et al.*, 2015). Su relevancia se debe a que provee calorías, proteínas, fibra, minerales y vitaminas, y al complementarse con cereales y alimentos ricos en carbohidratos suministra una nutrición equilibrada. En reconocimiento a sus beneficios y al de otras legumbres, la Organización de las Naciones Unidas para la Alimentación y la Agricultura (*Food and Agriculture Organization of the United Nations*, FAO) declaró al año 2016 como el Año Internacional de las Legumbres (<http://www.fao.org/pulses-2016/es/>). La judía común se consume principalmente como grano seco, siendo cultivada también para vainas y granos frescos. En Perú y Bolivia, las semillas tostadas llamadas “ñuñas” son parte de la dieta local (Singh, 1999). Las hojas, tallos y vainas pueden servir de forraje al igual que los rastrojos de las plantas secas. Estos últimos también tienen utilidad como abono, para incrementar la materia orgánica del suelo, o como combustible (Rodiño, 2000). En los países desarrollados, la vaina verde es el principal producto consumido como hortaliza, destacando por su alto contenido de proteínas, carbohidratos, fibra, calcio y vitaminas, junto con un bajo aporte calórico (Salinas-Ramírez *et al.*, 2012). Por el contrario, en

los países en desarrollo, el grano seco es la forma más común de consumo y constituye la base del aporte proteico diario para sus habitantes. Además, las judías son ricas en calcio y hierro, así como en vitaminas como la tiamina (B1) y el ácido fólico. Su perfil proteico es abundante en lisina, aunque bajo en aminoácidos azufrados como la metionina y la cisteína. Estos últimos, sin embargo, se encuentran en gran cantidad en los cereales por lo que una dieta que combine leguminosas con cereales puede cubrir de manera efectiva los requisitos de aminoácidos esenciales para el ser humano (Kelly y Bliss, 1975; MAPA, 1984). Entre los principales cultivos alimentarios, la judía muestra la mayor variación en hábito de crecimiento, características de la semilla (tamaño, forma y color) y el tiempo de maduración. Esta variabilidad permite su producción en una amplia gama de sistemas de cultivo y entornos tan diversos como América, África, el Medio Oriente, China y Europa (Cominelli *et al.*, 2019). En este sentido, es importante mencionar que la producción mundial de judías alcanzó un volumen promedio de 28 millones de toneladas en el año 2022. Del total de los países productores el 43,6% pertenece al continente asiático, el 27,9% al continente africano, el 26,3% al continente americano, el 1,4% al continente europeo y el 0,8% a Oceanía (FAO, 2024). Los principales países productores son India, Brasil y Myanmar, seguidos por Uganda y Tanzania (FAO, 2024). A excepción de Argentina los productores más importantes de judías son también los principales consumidores. La demanda de cada tipo depende la zona geográfica; así, países del continente americano, al igual que África, focalizan la demanda en la judía negra mientras que, en Europa, especialmente en la cuenca Mediterránea, es preferida la alubia blanca (Subsecretaría de Comercio, Gobierno de la Provincia de Salta, 2018).

1.4.1 Factores que limitan el cultivo de judía

Los dos objetivos principales en la producción de grano seco son el rendimiento y la calidad (Pachico, 1989; Singh, 1992; 1999), factores que dependen de la genética de la variedad y el ambiente de cultivo (Schoonhoven y Voysest, 1989). El empleo de prácticas agronómicas adecuadas durante el periodo de cultivo y cosecha son importantes para maximizar el rendimiento y la calidad (Singh, 1992; 1999). Sin embargo, existen diversos factores que afectan negativamente el cultivo. Estos factores pueden ser clasificados en tres categorías (Singh, 1999):

- biológicos: como las enfermedades causadas por hongos, bacterias y virus (Ploper *et al.*, 2016; Jalil, 2022), las plagas (Casmuz *et al.*, 2016) y malezas (Olea *et al.*, 2016)
- edáficos: un factor limitante es la baja fertilidad del suelo en general, y en particular, la deficiencia en Nitrógeno y Fósforo (Singh, 1999)
- climáticos: se destacan la sequía y las altas temperaturas. Se ha mencionado que las necesidades de agua en el cultivo de judía oscilan entre 320 y 350 mm anuales (uso consuntivo), dependiendo del clima siendo el período más crítico el de floración (Vizgarra y Mamani-Gonzales, 2012).

1.4.2 El cultivo de judía en la Argentina

El cultivo de judía se introdujo en el sur de la provincia de Salta para el consumo de los inmigrantes españoles que se asentaron en la zona a partir de la década de 1920. A partir de la década de 1970, la judía se convirtió en un cultivo extensivo de gran importancia económica regional, cuyo destino final fue la exportación. Actualmente, este cultivo representa una actividad económica tradicional del noroeste argentino (NOA) donde se encuentra muy arraigado por factores históricos y culturales y por contar con suelos y climas muy propicios para su cultivo, concentrándose en la región el 95% de la producción total de Argentina, siendo la provincia de Salta la de mayor producción (Vizgarra *et al.*, 2012). El cultivo de judía

demonstró ser además una de las mejores alternativas para la diversificación agrícola de la región por sus condiciones agroecológicas para la producción de legumbres secas y también para el desarrollo de la región subhúmeda seca y semiárida del NOA por su buena adaptación, como integrante principal de los sistemas de rotación que se pueden diseñar para esta amplia superficie (Vizgarra y Mamaní-González, 2012).

Si bien Argentina se encuentra dentro de los 10 principales productores mundiales de judía, esta actividad se encuentra orientada principalmente a la exportación y se acompaña de un bajo nivel de consumo interno (120 gramos per cápita al año). Argentina se encuentra entre los cinco principales países exportadores de judías como grano seco a nivel mundial, con un promedio de 359590 toneladas exportadas en los últimos 10 años (FAO, 2024). Según datos del Ministerio de Agroindustria de la Nación (2018), de la producción total argentina de judías se destina más del 95% hacia la actividad exportadora (Subsecretaría de Comercio, Gobierno de la Provincia de Salta, 2018). Si bien a nivel mundial se comercializan más de 20 colores de judías, Argentina exporta mayoritariamente los tipos blanco y negro, y en menor medida otros como rojo y cranberry (Vizgarra y Mamaní-González, 2012). Argentina es el principal exportador mundial de judía blanca tipo alubia. En el país se producen principalmente variedades de judía blanca y negra, correspondiendo durante la campaña 2020/2021 el 38% aproximadamente de la superficie sembrada a judía tipo alubia blanca y el 40% a judía negra (MAGyP, 2021).

1.5 USO DE LOS RECURSOS FITOGENÉTICOS NATIVOS

Las variedades de judía común que se cultivan en la actualidad son el producto de un largo proceso evolutivo y de domesticación que se originó a partir de poblaciones silvestres (Brücher, 1988; Gepts y Debouck, 1991; Hernández-López *et al.*, 2013), las que enfrentan crecientes amenazas en su hábitat natural en el continente americano. Desde su centro de origen y domesticación, las judías se dispersaron globalmente, lo que ha generado una notable acumulación de cambios morfológicos, fisiológicos y genéticos (Gepts y Debouck, 1991) debido a su adaptación a nuevos ambientes y las exigencias humanas. El conocimiento de su origen, diversidad genética (Blair *et al.*, 2007; 2012; Kwak y Gepts, 2009; Asfaw *et al.*, 2009; Gioia *et al.*, 2013; Sharma *et al.*, 2013; Bukhari *et al.*, 2015; Chavez-Servia *et al.*, 2016; Tobar-Piñón *et al.*, 2020), evolución (Rossi *et al.*, 2009; Bellucci *et al.*, 2014; De Ron *et al.*, 2016; Bitocchi *et al.*, 2017; Ariani *et al.*, 2018; Gioia *et al.*, 2019) y vías de diseminación (Gepts y Bliss, 1988; Papa y Gepts, 2003; Papa *et al.*, 2007) constituye una valiosa información para utilizar y conservar adecuadamente estos recursos genéticos. Debido a que el germoplasma nativo de la judía representa una importante fuente de diversidad que se ha utilizado para superar algunos factores que limitan la producción del cultivo (Debouck, 1987; 1988; Singh, 1988; Toro *et al.*, 1990, Acosta-Gallegos *et al.*, 2007; De Ron *et al.*, 2015) (Tabla 1.3) y que hasta el momento solo se ha evaluado una fracción de este germoplasma de todos los acervos genéticos, se estima que a medida que se avance en la evaluación de las colecciones conservadas será posible encontrar otros caracteres de importancia para la mejora de la judía común.

El germoplasma nativo de la Argentina ha demostrado poseer características de adaptación a la heterogeneidad edafoclimática de la región de origen y a la diversidad de los patógenos presentes en la misma (Stenglein, 2007). También es importante destacar que existe una mayor posibilidad de éxito en los cruzamientos cuando se utilizan genotipos provenientes del mismo pool génico (Debouck y Tohme, 1988; Gepts y Debouck, 1991; Singh, *et al.*, 1991b), por lo que es importante poder disponer de una cantidad significativa de genotipos diferentes nativos del NOA para evaluar la presencia de caracteres de interés en este germoplasma.

Tabla 1.3. Ejemplos de superioridad en caracteres presentes en la forma silvestre de la judía común en comparación con *P. vulgaris* domesticado (Acosta-Gallegos *et al.*, 2007; Copyright 2007, John Wiley and Sons).

Carácter	Detalles	Fuente
Resistencia frente a brúquidos	APA: inhibidor de la arcelin-fitohemaglutinina- α -amilasa	Osborn <i>et al.</i> , 1988; Cardona <i>et al.</i> , 1990; Kornegay and Cardona, 1991; Goossens <i>et al.</i> , 2000
Resistencia a insectos	Resistencia al gorgojo mexicano de la judía	Acosta-Gallegos <i>et al.</i> , 1992
Contenido mineral	Mayor contenido de Ca, N, Fe y Zn	Vázquez and Cárdenas, 1992; Guzmán-Maldonado <i>et al.</i> , 2000; Díaz-Batalla <i>et al.</i> , 2006; Espinosa-Alonso <i>et al.</i> , 2006;
Balance de aminoácidos	Mejor balance de aminoácidos esenciales	Sotelo <i>et al.</i> , 1995

Las provincias de Jujuy, Salta, Tucumán y Catamarca, en el NOA representan el límite sur del centro Andino de domesticación de la judía común y albergan un gran número de variedades locales (también denominadas poblaciones primitivas o landraces) y poblaciones silvestres de *Phaseolus vulgaris*, que contienen una proporción importante de la diversidad genética de la especie (Parodi, 1966). Las variedades locales tradicionales son poblaciones de cultivos que se han desarrollado y adaptado a lo largo del tiempo en respuesta a las condiciones climáticas, las prácticas agrícolas y la presencia de plagas y enfermedades específicas de una región (Hycka, 1975). Los agricultores han desempeñado un papel crucial en este proceso al seleccionar y conservar sus propias semillas cosecha tras cosecha. Estas variedades locales son principalmente mezclas de líneas y se caracterizan por su adaptación a las condiciones locales sin haber sido formalmente mejoradas. Debido a su amplia variación genética y su adaptación a entornos específicos tras años de cultivo, estas variedades constituyen un recurso genético de gran valor para el mejoramiento del cultivo (De Ron *et al.*, 2016).

Los sitios donde se ha colectado germoplasma silvestre y variedades locales de *P. vulgaris* en el noroeste argentino se ubican dentro de las ecorregiones Chaco Seco, Montes de Sierras y Bolsones, Selva de las Yungas, Puna y Altos Andes definidas por Morello *et al.* (2012). La restricción progresiva del hábitat de las judías silvestres debido al avance de la frontera agropecuaria, la deforestación y el sobre-pastoreo, constituyen amenazas para las poblaciones silvestres del NOA y han llevado incluso a la desaparición de algunas de ellas (Menéndez-Sevillano, 2002) conjuntamente con la pérdida de diversidad genética. Por otro lado, la migración de la mano de obra agrícola hacia otras formas de empleo, la pérdida del hábito de consumo y el reemplazo de las variedades locales por variedades comerciales más uniformes han llevado también a la erosión genética de estos recursos, con el riesgo de llegar a la extinción de un material genético de valor incalculable. Debido a ello es muy importante poder contar con colecciones conservadas que puedan representar y resguardar la mayor cantidad posible de diversidad genética de la especie y de manera que la misma esté disponible para su utilización.

1.6 CONSERVACIÓN DE LOS RECURSOS FITOGENÉTICOS

Se ha señalado la importancia de la conservación de los recursos fitogenéticos en los bancos de germoplasma, debido a que aseguran la variabilidad requerida por los mejoradores para el desarrollo de variedades comerciales que permitan al agricultor superar las limitaciones naturales a fin de obtener mayores beneficios de su actividad. Por otra parte, los bancos de germoplasma también preservan la variabilidad frente a la erosión genética (Beching *et al.*, 1994; Mascher *et al.*, 2019).

En Argentina, el banco activo de germoplasma del Noroeste Argentino (BANOA) situado en la Estación Experimental Salta del INTA (Cerrillos, Salta) conserva una importante

colección de alrededor de 700 accesiones, de las cuales 500 corresponden a variedades locales y 222 a poblaciones silvestres de *P. vulgaris* (Figura 1.4). Lo más relevante de esta colección es que todo el germoplasma se ha adquirido a través de colectas realizadas en el país, dentro del área de distribución de la judía silvestre, y en los sitios donde tradicionalmente se cultivaban las variedades locales.

Se ha observado que la diversidad genética presente en ambos tipos de germoplasma se enfrentan al riesgo de erosión genética debido a la restricción progresiva del hábitat natural donde crecen las poblaciones silvestres y en el caso de las variedades locales, la cantidad de agricultores que siguen cultivándolas en la región disminuye cada año, ya sea por causa del cambio en las costumbres locales, lo que ha llevado a que dejen de utilizarse en la alimentación o por su reemplazo con otros cultivos.

Se ha mencionado que el fácil acceso e intercambio de semillas a partir de los bancos de germoplasma han sido factores que contribuyeron a revertir la tendencia inicial de reducción de la diversidad, poniendo en valor su utilidad en la colecta y conservación de colecciones que reúnen una importante diversidad genética de las especies que conservan.



Figura 1.4. Semillas de poblaciones silvestres (izquierda) y variedades locales (derecha) de judía del NOA

1.6.1 Colecta de germoplasma

En relación a la conservación de los recursos fitogenéticos el término germoplasma se refiere al material que se conserva en forma de semilla, cultivo de tejido o planta establecida en colecciones de campo que reúne la variabilidad genética intra-específica de los materiales genéticos que pueden perpetuar una especie o una población (Graur y Wen-Hsiung, 2000). a colecta permite la adquisición de germoplasma, lo que constituye el paso inicial en la conservación de los recursos fitogenéticos, generando el ingreso de una accesión nueva a la colección. La principal finalidad es garantizar disponibilidad suficiente de diversidad para suplir necesidades actuales y futuras (Rao *et al.*, 2007).

Entre las distintas razones para realizar una colecta de germoplasma podemos mencionar:

- prevenir la erosión genética, cuando la amenaza de pérdida de diversidad genética está presente en una determinada zona y no se puede conservar *in situ*, o para complementar este tipo de conservación.

- llenar vacíos en una colección, cuando hace falta diversidad o ésta está insuficientemente representada en ella;

- cuando se necesita germoplasma para el mejoramiento, investigación o desarrollo.

Las colectas se realizan con un procedimiento de muestreo adecuado previamente establecido. Para las colecciones de semillas específicamente se debe conocer la distribución de la especie o las zonas donde se cultiva y su fenología de manera que se permita asegurar que la muestra colectada se componga de semillas maduras y viables que hayan adquirido la capacidad de germinar y desarrollar plantas sanas.

La colección de *P. vulgaris* que actualmente se encuentra en el BANOA se inició en el año 1971 con una muestra de semillas de una variedad local colectada por Cámara Hernández, del Instituto Vavilov de la Facultad de Ciencias Agrarias de la Universidad de Buenos Aires, en el departamento de Iruya, provincia de Salta. A ésta se fueron agregando muestras, que se coleccionaron en las provincias de Salta, Jujuy, Tucumán y Catamarca entre los 1000 y 3000 msnm y entre 22° y 24° S y 67° y 65° O hasta alcanzar la composición actual de la colección.

1.6.2 Caracterización

Además de las funciones de conservación y mantenimiento del germoplasma, los bancos de germoplasma realizan otras actividades tales como las de documentación, caracterización, evaluación de la variabilidad genética, estudios filogenéticos, identificación de caracteres deseables para el mejoramiento del cultivo y la multiplicación y distribución del germoplasma, ya que su propósito no solo se limita a la conservación de las colecciones. Para asegurar la máxima utilización del germoplasma es esencial conocer y describir lo mejor posible sus características. La caracterización consiste en la descripción del germoplasma vegetal, determinando la expresión de caracteres altamente heredables. Para ello se pueden utilizar un conjunto mínimo de caracteres fenotípicos, fisiológicos y cualitativos de las semillas, descriptores morfológicos y marcadores moleculares (FAO, 2014).

En el proceso de caracterización de una colección se pueden establecer los siguientes objetivos principales:

1) Estimar la diversidad genética del grupo en análisis, lo que puede incluir uno o más niveles de diversidad, como la diversidad fenotípica y molecular, utilizando descriptores que ya han sido definidos.

2) Determinar qué tan representativa es la colección y su relación con la diversidad de la especie en un área específica, o con la diversidad total de la especie.

3) Analizar la estructura genética de la colección estudiada en relación con las variantes, o sus combinaciones que forman grupos reconocibles, lo que puede depender de factores demográficos *in situ*, tales como tamaño de población, biología reproductiva y migración.

4) Estimar el porcentaje de duplicados que puedan existir en una misma colección o en comparación con otras colecciones de la especie.

5) Localizar genes específicos o alelos únicos o en combinaciones exclusivas, los cuales pueden expresarse en características visibles (morfológicas) en diferentes estados o combinaciones. Estos genes son comúnmente llamados ‘stocks genéticos’ y se emplean para investigaciones prácticas inmediatas, como la búsqueda de resistencia a factores bióticos (Franco e Hidalgo, 2003).

Un descriptor se refiere a una característica o atributo cuya expresión se puede medir, registrar o evaluar fácilmente y que está relacionado con la forma, estructura o comportamiento de una accesión. Los descriptores utilizados en la caracterización de accesiones ayudan a su diferenciación y a representar el atributo de manera clara y consistente, lo que simplifica la clasificación, el almacenamiento, la recuperación y el uso de la información. Estos descriptores

se han establecido para un gran número de especies cultivadas. El IPGRI (actualmente Bioersity Internacional) ha compilado y publicado manuales con descriptores para más de 100 especies cultivadas (Debouck *et al.*, 2009). La caracterización permite detectar la diversidad que existe entre y dentro de las accesiones. A partir de la identificación de alelos raros o alelos particulares puede establecerse la necesidad de adoptar medidas adecuadas para asegurar su preservación. En esta actividad es de vital importancia la documentación de las observaciones y de las medidas adoptadas para la toma de los datos.

Las poblaciones de individuos que conforman una especie vegetal se encuentran bajo una continua interacción dinámica con los factores bióticos y abióticos presentes en los sitios donde crece la población y la diversidad presente en su genoma le permite adaptarse a distintas condiciones para sobrevivir en su entorno (Hidalgo, 2003). El resultado de esta interacción adaptativa se traduce en la acumulación de variantes en la información genética en los miembros de cada población y se transmite a las subsiguientes generaciones a través del tiempo. De esta manera, aunque las poblaciones de individuos de una especie comparten características comunes y pueden cruzarse entre ellos, también se observan variantes individuales (Hidalgo, 2003).

La diversidad genética se puede definir como las variaciones que ocurren en cada organismo, entre los individuos de una población y entre las poblaciones dentro de una especie, que se transmiten de manera hereditaria y que puede distinguirse a nivel de la secuencia del ADN (alelos) y de las combinaciones de alelos o genotipos (Awise, 2004).

1.6.2.1 Caracterización agromorfológica

La caracterización de los recursos fitogenéticos se ha basado tradicionalmente en la descripción morfológica de órganos vegetativos y reproductivos y características agronómicas observables. Estos marcadores, conocidos como agromorfológicos, son atributos de las plantas que se pueden identificar y medir con facilidad. Pueden o no ser altamente heredables y estar controlados por uno o pocos genes, lo que permite una rápida distinción de fenotipos (Lowe *et al.*, 1996). A pesar de su utilidad, estos marcadores presentan ciertas limitaciones que complican su medición y acotan la información genética que se puede obtener (Pan *et al.*, 2004). Por este motivo, se ha sugerido que los estudios que combinan descriptores morfológicos y marcadores moleculares ofrecen una descripción más completa y una mejor interpretación de la diversidad genética (Wilson *et al.*, 1977; Hillis y Wiens, 2000; Demey *et al.*, 2003). Por lo tanto, es recomendable utilizar ambos tipos de caracterizaciones para un análisis más completo.

La judía se caracteriza por presentar una gran heterogeneidad fenotípica (Singh, 1989) y esta diversidad se refleja en su adaptación a una vasta gama de ambientes. Para analizar esta amplia variabilidad, es fundamental utilizar un conjunto de descriptores que permitan caracterizar eficazmente las distintas poblaciones y variedades. El empleo de descriptores basados en caracteres cuantitativos es particularmente valioso, ya que contribuye a identificar y eliminar duplicados en las colecciones de germoplasma, posibilitando además evaluar agronómicamente a las variedades y conocer las relaciones entre las diferentes accesiones. La selección específica de los descriptores a utilizar dependerá de los objetivos de cada centro de investigación o banco de germoplasma en que se realice.

1.6.2.2 Caracterización genotípica

Los avances en biología molecular han incorporado nuevos marcadores, de naturaleza molecular y de mayor sensibilidad para detectar cambios en el genotipo de los individuos, teniendo como objeto de análisis la molécula de ADN, portadora de los polimorfismos en la secuencia de nucleótidos. El análisis de las diferencias a nivel de la secuencia de nucleótidos

permite definir a un marcador genético como un segmento de ADN que presenta un polimorfismo, con una ubicación física identificable, puesto en evidencia por técnicas repetibles y cuya herencia puede rastrearse (Villegas-Castagnasso *et al.*, 2021). La aplicación de marcadores moleculares complementa los datos provenientes de la caracterización agromorfológica. Su empleo permite no solo estimar la diversidad genética y comparar individuos o especies, sino también establecer relaciones filogenéticas y evaluar la dinámica de poblaciones. Entre los marcadores más empleados para analizar la diversidad genética en colecciones de germoplasma se encuentran los polimorfismos en la longitud de fragmentos amplificados (AFLP, Amplified Fragment Length Polymorphism) (Xu *et al.*, 1999; Cardoso *et al.*, 2018; Roncallo *et al.*, 2019), los polimorfismos de longitud de fragmentos de restricción (RFLPs, Restriction Fragment Length Polymorphism) (Lu *et al.*, 1994; Quarta *et al.*, 2001; Capuzzo y Maffei, 2016), la amplificación aleatoria de ADN polimórfico (RAPD, Random Amplification of Polymorphic DNA) (Belaj *et al.*, 2003; Moreno *et al.*, 2004; Cazares-Alonso *et al.*, 2010; Alvarez-Ojeda *et al.*, 2018), los microsatélites o repeticiones de secuencia simple (SSR, Simple sequence repeats) (Urrestarazu *et al.*, 2012; Vinu *et al.*, 2013; Hayano-Kanashiro *et al.*, 2017; Sánchez, 2017; Vega-Alvarez *et al.*, 2017), los polimorfismos de un solo nucleótido (SNP, Single Nucleotide Polymorphism) (Emanuelli *et al.*, 2013; Zhang *et al.*, 2016; Baldoni *et al.*, 2019; Kuzay *et al.*, 2019), las etiquetas de secuencia expresada de microsatélites (EST-SSR, expressed sequence tag-simple sequence repeat) (Ramu *et al.*, 2013; Chen *et al.*, 2015; Cosson *et al.*, 2019). A pesar de la amplia disponibilidad de marcadores moleculares se recomienda, para los fines de caracterización, utilizar marcadores bien establecidos y repetibles como, por ejemplo, los SSR (FAO, 2014).

Los microsatélites han demostrado ser muy informativos por lo que han sido ampliamente utilizados en la caracterización e identificación del germoplasma de la judía y en los estudios de diversidad genética (Asfaw *et al.*, 2009; Blair *et al.*, 2009; 2012; Sharma *et al.*, 2013; Meza-Linares, 2014; Blair y Lorigados, 2016; Pereira *et al.*, 2019).

La aplicación de los marcadores moleculares a la caracterización y evaluación de germoplasma ha facilitado la identificación de duplicados en los bancos, la clasificación de los materiales, el cálculo de la distancia genética entre accesiones, la identificación de su origen geográfico y la determinación de puntos de máxima diversidad. Esta información facilita el manejo de las colecciones de germoplasma, permitiendo un uso más eficiente de la diversidad conservada (Lee, 1995; Avise, 2004; Dar *et al.*, 2019).

Por otro lado, las tecnologías de secuenciación del genoma tienen una aplicación inmediata al proporcionar una referencia a partir de la cual se pueden desarrollar nuevos marcadores. Una combinación de lecturas de Sanger, 454 e Illumina HiSeq2000 y un mapa genético basado en 7015 marcadores SNP se utilizaron para ensamblar la secuencia del genoma de referencia de la judía común (Schmutz *et al.*, 2014), con un tamaño total del genoma de 521 megabases (Mb) que representa el 89% de su genoma. También se ha realizado el análisis del genoma y del transcriptoma de un genotipo mesoamericano de la judía común (Vlasova *et al.*, 2016). Actualmente se están desarrollando nuevas tecnologías construidas a partir de las secuencias del genoma publicadas.

Si bien hay varios recursos genómicos disponibles para la judía común, como los mapas físicos, bibliotecas de cromosomas artificiales bacterianos, mapas físicos y genéticos anclados, etiquetas de secuencia expresada y la secuencia del genoma completo (Schmutz *et al.* 2014), es necesario mencionar que estos enfoques requieren datos fenotípicos precisos (De Ron *et al.*, 2016) y estas tecnologías aún no resultan accesible para algunos países.

1.7 APLICACIÓN DE SISTEMAS DE INFORMACIÓN GEOGRÁFICA (SIG) EN LA CONSERVACIÓN DE GERMOPLASMA

El mapeo y el análisis espacial de los datos de las colecciones conservadas en bancos de germoplasma pueden llevarse a cabo con softwares de sistemas de información geográfica (SIG) disponibles en el mercado (Hijmans *et al.*, 2001). Un dato georreferenciado o dato espacial se puede definir como un elemento ubicado en el espacio mediante un sistema de coordenadas, el cual puede ser descrito a través de una serie de atributos o características y que, además, permite conocer su relación con respecto a otros elementos de forma espacial. El conjunto de datos espaciales asociado a una localización específica, que puede ser de utilidad para la toma de decisiones, se denomina información geográfica (Moreira, 1996) y los SIG son las herramientas que utilizamos para trabajar con esos datos.

La base de datos integrada es la esencia de los SIG, y permite el almacenamiento de gran cantidad de datos espaciales que representan variables muy diversas (relieve, suelo, vegetación, precipitación, pendiente, uso del suelo), y que provienen de diferentes fuentes (cartas, fotos aéreas, imágenes satelitales, control de terreno). Del análisis de esta base de datos se pueden generar mapas que representan una variable, varias, o la integración de todas ellas, dependiendo de las necesidades del usuario (Figura 1.5).

De la capacidad de los SIG de manejar información geográfica surge su potencial para apoyar los estudios de conservación de la diversidad biológica, debido a que, para la conservación de las especies, comunidades y ecosistemas, es imprescindible el conocimiento de su localización y distribución en el espacio. Este potencial es alto para los distintos niveles de estudio de la diversidad biológica: diversidad genética, de especies y de ecosistemas y dentro de un mismo nivel, como puede ser el de diversidad de especies, es posible realizar análisis a distintas escalas: global, regional o local. Si a esto se une la cantidad y variedad de los datos que es necesario considerar, se entiende el gran potencial que poseen los SIG para apoyar los estudios de variabilidad y variación genética espacial. Además de permitir un análisis complejo de los datos, los SIG proporcionan un resultado cartográfico atractivo y comprensible en todo ámbito. Por estas razones su uso está cada vez más recomendado en trabajos de conservación de la biodiversidad a nivel mundial (Moreira, 1996; Jarvis *et al.*, 2005; Nogues-Bravo, 2013).

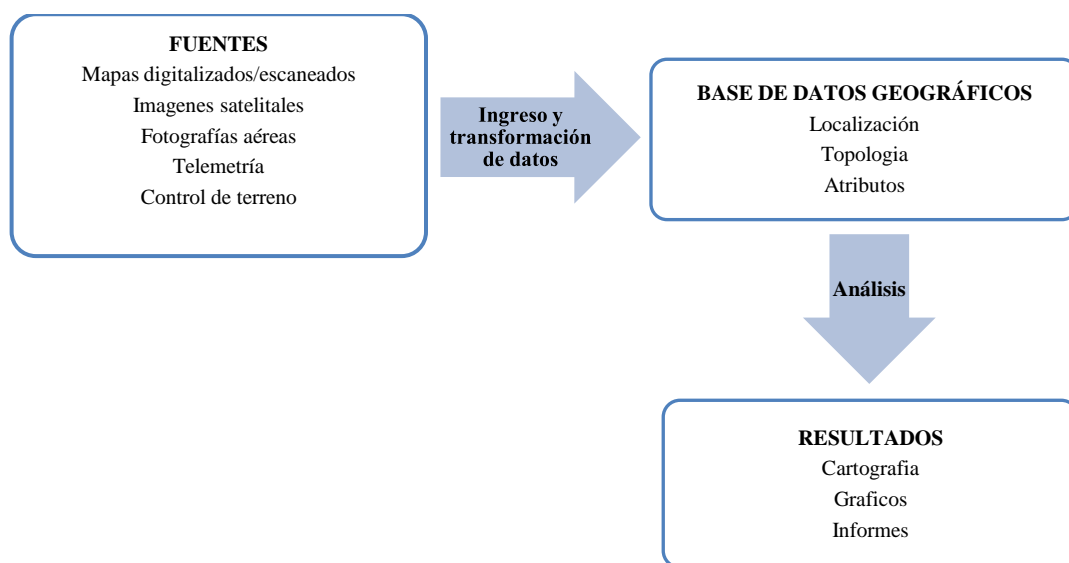


Figura 1.5. Esquema de funcionamiento de un SIG (Adaptado de Moreira, 1996).

1.7.1 Caracterización ecogeográfica

Las expediciones de colecta de germoplasma pueden tener dos objetivos principales: poner la diversidad genética a disposición para su uso y ayudar a dilucidar patrones genéticos, ecológicos y geográficos en la distribución de las especies (Bennett, 1970).

Se entiende por “ecogeografía” las plantas o cultivos a su ambiente. Este término fue introducido en el área de los recursos fitogenéticos por Peeters *et al.* (1990), y se define como las “combinaciones de datos climáticos, ecológicos y geográficos”. Posteriormente se introdujo el término “descriptores ecológicos” para referirse a las variables ambientales que son útiles en la recolección y conservación de recursos fitogenéticos (Steiner y Greene, 1996). Actualmente, el término “caracterización ecogeográfica” se refiere al estudio de los datos ambientales del sitio donde se encuentra una especie vegetal o una población, y está vinculado a su adaptación a los factores bióticos y abióticos (Parra-Quijano *et al.*, 2014). El análisis de los patrones ecogeográficos puede contribuir a distintas actividades de investigación sobre recursos fitogenéticos, incluyendo la planificación de programas de recolección, selección de recursos genéticos para su inclusión en programas de mejora, desarrollo de colecciones núcleo y selección de sitios para la conservación *in situ* (Hijmans *et al.*, 2001). Además, se han realizado estudios donde se complementa la caracterización de la variabilidad genética con el análisis de factores ecogeográficos y su relación con dicha variabilidad o diversidad (Hernández-Verdugo *et al.*, 1996; Liviero *et al.*, 2002; Meza-Linares, 2014; Naranjo-Quinaluisa *et al.*, 2018; González-Santos *et al.*, 2024).

Es esencial realizar estudios sobre la representatividad ecogeográfica para optimizar el manejo y la utilización de las colecciones de germoplasma vegetal. Esto permite conocer el rango de adaptación presente en las colecciones resguardadas en un banco de germoplasma (Parra-Quijano *et al.*, 2008). Dada la conexión entre los factores ecogeográficos y los patrones genéticos, una mayor representatividad ecogeográfica en las colecciones se traducirá en una mayor variabilidad genética preservada (Greene y Hart, 1999; Byers, 2005). El avance de los Sistemas de Información Geográfica (SIG) y la creciente disponibilidad de datos ambientales han simplificado la caracterización ecogeográfica de los recursos fitogenéticos. Esta caracterización se puede llevar a cabo a partir de la elaboración de mapas de Caracterización Ecogeográfica del Terreno (ELC, Ecogeographic Land Characterization). Estos mapas delimitan áreas con características ambientales similares, creando categorías a las cuales se asigna cada accesión según su lugar de recolección (Parra-Quijano *et al.*, 2008). Es fundamental identificar las zonas de alta diversidad genética con el fin de maximizar el uso de los recursos, ya que la oportunidad de localizar germoplasma valioso para iniciativas de mejora se incrementa en ambientes con mayores niveles de diversidad genética (Frankel *et al.*, 1995; Tanksley y McCouch, 1997). Los SIG también permiten realizar análisis espaciales sobre la diversidad mediante la creación de mapas de diversidad (Kozak *et al.*, 2008), los que constituyen herramientas adecuadas para priorizar las áreas destinadas a la conservación de recursos fitogenéticos (Guarino *et al.*, 2008). El análisis de la diversidad vegetal a través de caracteres ecogeográficos proporciona una estimación de las variaciones entre los lugares de recolección de las accesiones en una colección, basándose en las características ambientales abióticas que influyen en la distribución y presencia de la especie considerada. Las regiones que muestran diferencias significativas pueden indicar áreas donde se espera encontrar germoplasma con adaptaciones más divergentes y, de manera indirecta, una mayor diversidad genotípica o fenotípica (Parra-Quijano *et al.*, 2022). Es relevante señalar que el escenario óptimo para la evaluación de la diversidad es aquel en el que se pueden generar mapas de diversidad para los tres tipos de caracterizaciones (agromorfológica, molecular y ecogeográfica), ya que, en conjunto, proporcionan una comprensión biológica exhaustiva de la

situación de los recursos fitogenéticos presentes en la región que se esté analizando (Parra-Quijano *et al.*, 2014).

1.8 JUSTIFICACIÓN Y OBJETIVOS DEL TRABAJO

En los últimos años se ha observado una creciente amenaza a la existencia de las poblaciones silvestres de judía común debido a la degradación de sus hábitats naturales, el cambio climático, la expansión de la frontera agropecuaria y los procesos de urbanización. Por otro lado, el cambio en las costumbres y los hábitos de consumo y la introducción de variedades comerciales o el reemplazo por otros cultivos, ponen en peligro las variedades locales, lo que provoca una pérdida paulatina e irreversible de la diversidad contenida en la especie. Para contribuir a la conservación eficiente y el uso de la diversidad genética de las colecciones de judía es fundamental su caracterización.

Además, considerando que las variedades comerciales de judía de Argentina presentan una estrecha base genética (Galván *et al.*, 2001; Menéndez-Sevillano, 2002), el estudio de poblaciones silvestres y variedades locales es de gran importancia para explorar variantes ausentes en los materiales cultivados, que permitan, por ejemplo, ampliar su rango de adaptación actual.

Parte de la variabilidad de los recursos fitogenéticos de la judía del NOA ha sido evaluada sobre la base de caracteres agromorfológicos, demostrándose la existencia de gran variabilidad tanto dentro como entre poblaciones (Menéndez-Sevillano, 2002; De Ron *et al.*, 2005). Esto fue comprobado empleando marcadores moleculares, que resultaron una herramienta de gran utilidad para el estudio de las poblaciones silvestres y variedades locales, como también de los complejos de hibridación resultantes del cruzamiento natural entre ambas formas (Santalla *et al.*, 2004; Galván, 2006; Galván *et al.*, 2010). Sin embargo, no se ha realizado la caracterización ecogeográfica de los sitios de colecta de las semillas de este germoplasma y el mismo no ha sido caracterizado teniendo en cuenta esta metodología.

La caracterización del germoplasma del noroeste argentino utilizando caracteres agromorfológicos, moleculares y ecogeográficos contribuirá a conocer la diversidad conservada hasta el momento y permitirá valorizar la colección al incorporar información potencialmente útil sobre estas accesiones. Además, se evaluará la representatividad ecogeográfica de las poblaciones conservadas en el banco de germoplasma del NOA incluidas en este trabajo lo que contribuirá al diseño de planes de conservación y estrategias para colectas futuras.

Si bien la judía es predominantemente autógama, se ha mencionado la ocurrencia de distintos niveles de alogamia natural. Como resultado del flujo génico entre judías silvestres y domesticadas (variedades locales y variedades comerciales) en simpatria se ha postulado la existencia de una forma intermedia denominada “weedy type”. Las tres formas, silvestre, cultivado y los híbridos que se generan entre ellas forman lo que se denomina complejo “wild-weedy-crop” (Figura 1.6). Se ha mencionado su presencia en la zona andina de Bolivia, Perú, Colombia y Argentina (Debouck *et al.*, 1989; Freyre *et al.*, 1996; Beebe *et al.*, 1997; Papa y Gepts, 2003; Santalla *et al.*, 2004; Hoc *et al.*, 2006; Menéndez-Sevillano *et al.*, 2009; Galván *et al.*, 2010). Estos complejos podrían ser un medio eficaz para generar variabilidad genética, introgressando genes de poblaciones silvestres en tipos cultivados y complementando los programas modernos de mejoramiento (Beebe *et al.*, 1997).

Los marcadores moleculares también permiten analizar la intensidad del flujo génico entre judías silvestres y domesticados en diferentes áreas. Papa y Gepts (2003) utilizando marcadores AFLP demostraron que las poblaciones weedy de mesoamérica forman un grupo intermedio entre las poblaciones domesticadas y silvestres, sugiriendo que se habrían originado a partir de

la hibridación entre ambas y postulando además que el flujo génico es asimétrico, siendo tres a cuatro veces mayor desde las judías domesticadas hacia los silvestres.

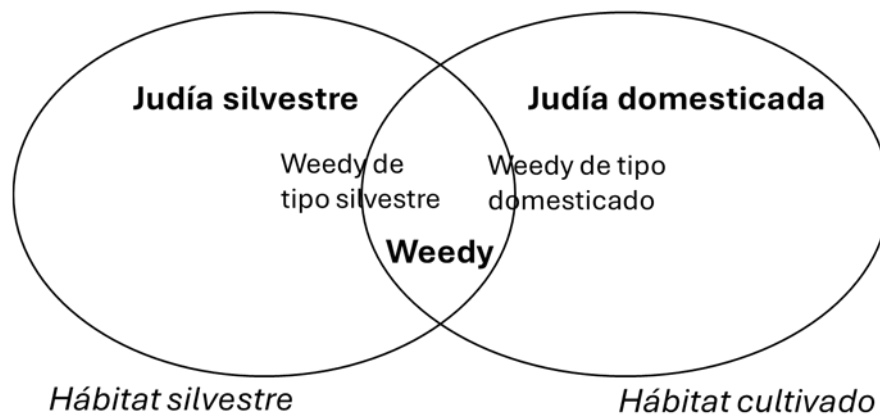


Figura 1.6. Representación del complejo “wild-weedy-crop” o silvestre-maleza-cultivado (Adaptado de Beebe *et al.*, 1997 y Galván, 2006).

Durante las actividades de colecta se han identificado poblaciones silvestres creciendo en ambientes cercanos a sitios de cultivo de judías domesticadas (variedades locales y variedades comerciales) que, a partir de la observación de caracteres morfológicos de vainas y hojas, se presupone podrían haber experimentado cruzamiento natural. Además, estudios previos permitieron identificar algunas poblaciones de judías silvestres creciendo en áreas protegidas y alejadas de zonas de cultivo que presentaban diferencias en ciertos caracteres morfológicos con relación a otras poblaciones ubicadas fuera de dichas áreas (Ferreira *et al.*, 2017). Por esta razón, es relevante realizar estudios para evaluar la posible ocurrencia de flujo génico entre el germoplasma silvestre y domesticado del noroeste argentino, comprender su efecto sobre la diversidad genética y considerar sus implicancias para adecuar las estrategias de conservación.

Teniendo en cuenta los antecedentes citados, algunas de las preguntas a responder en esta tesis son:

¿Las variedades locales de judía que se cultivan en el NOA al haber sufrido un proceso de domesticación presentan menor variabilidad agromorfológica y genotípica que las poblaciones silvestres de judía nativas de la región?

¿Las áreas de mayor diversidad ecogeográfica, agromorfológica y genotípica son diferentes para las poblaciones silvestres y para las variedades locales de judía del NOA?

¿Las poblaciones de judías silvestres del NOA, que crecen en simpatria con variedades comerciales presentan flujo génico desde las judías cultivadas?

2 OBJETIVOS

2.1 OBJETIVO GENERAL

El objetivo general de este trabajo es evaluar la diversidad presente en el germoplasma de *Phaseolus vulgaris* L. del NOA para aportar conocimiento, valorizar y contribuir a la conservación de esta especie.

2.1.1 Objetivos específicos

- Analizar la diversidad existente en poblaciones silvestres y variedades locales de judía del NOA a través de la caracterización agromorfológica.
- Analizar la variabilidad presente en individuos de poblaciones silvestres y de variedades locales de judía del NOA empleando marcadores moleculares (microsatélites)
- Caracterizar ecogeográficamente los sitios de colecta (escenarios adaptivos) de las poblaciones silvestres y las variedades locales de judía y analizar la diversidad agromorfológica y molecular respecto a los diferentes sitios de colecta.
- Evaluar la ocurrencia de flujo génico entre poblaciones silvestres y variedades comerciales de judía simpátricas en el NOA.

3 MATERIALES Y MÉTODOS

3.1 MATERIAL BIOLÓGICO

El material vegetal estudiado comprende 236 accesiones de la colección de *Phaseolus* del Banco de germoplasma del Noroeste Argentino (BANOA) de la Estación Experimental Agropecuaria (EEA) Salta (Argentina), del Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), incluyendo 142 poblaciones silvestres (*Phaseolus vulgaris* var. *aborigineus*) y 94 variedades locales de judía común (*Phaseolus vulgaris* L.) procedentes de provincias del noroeste argentino. El término accesión hace referencia a una muestra distinta, singularmente identificable de semillas, que se mantiene almacenada para su conservación y uso. En este trabajo cada accesión corresponde, en las poblaciones silvestres, al germoplasma colectado en un determinado sitio, reuniendo las semillas de varias plantas que crecen en un ambiente natural (Figuras I, II y III del anexo). En las variedades locales, cada accesión corresponde a semillas del material local cultivado tradicionalmente por los agricultores en huertos o fincas familiares (Figura IV y V del anexo). Por lo general, estas accesiones consisten en mezclas de semillas con diferentes colores de tegumento (Figura 3.1 y Figura VI anexo), ya que son el resultado del sistema de manejo del cultivo, basado en los fenotipos, que se utiliza desde épocas remotas (Kaplan, 1981), asegurando una mayor plasticidad en el cultivo (Menéndez-Sevillano, 2002).



Figura 3.1. Semillas de variedades locales de judía cultivadas por agricultores del NOA.

A fin de poder comparar ambos tipos de germoplasma, de aquí en adelante se hablará de poblaciones en referencia al grupo silvestre y de variedades locales para referirnos al germoplasma primitivo, perteneciente al grupo domesticado. Todas las accesiones evaluadas pertenecen al acervo génico Andino.

Las 98 poblaciones silvestres estudiadas fueron colectadas entre los 22° y 27° de latitud Sur, y los 64° y 65° de longitud Oeste, a una altitud que osciló entre los 750 y los 2600 msnm y las 77 variedades locales fueron colectadas entre los 22° y 27° de latitud Sur, y los 64° y 67° de longitud Oeste, a una altitud que osciló entre los 1300 y los 3500 msnm. En la tabla 3.1 se indica el número de accesiones silvestres y variedades locales evaluadas por provincia.

Tabla 3.1. Número de accesiones correspondientes a poblaciones silvestres y variedades locales evaluadas por provincia del noroeste argentino.

Tipo de germoplasma	Provincia	N° de accesiones evaluadas
Silvestre	Salta	98
	Jujuy	19
	Tucumán	18
	Catamarca	6
	Córdoba	1
Variedad local	Salta	77
	Jujuy	13
	Tucumán	1
	Catamarca	3
Total de accesiones		236

Las accesiones que se incluyeron en este trabajo se seleccionaron de manera que cubrieran el rango de distribución de la judía silvestre y los sitios donde tradicionalmente se cultivaban las variedades locales en la Argentina.

Los sitios de recolección para las poblaciones silvestres evaluadas comprendieron las ecorregiones Puna, Chaco Seco, Selva de las Yungas, y Monte de Sierras y Bolsones y para las variedades locales, a las ecorregiones Puna, Altos Andes, Selva de las Yungas y Monte de Sierras y Bolsones, según la clasificación de Morello *et al.* (2012) (Tabla 3.2 y Figura 3.2).

Tabla 3.2. Número de accesiones correspondientes a poblaciones silvestres y variedades locales evaluadas por ecorregión según la clasificación de Morello *et al.* (2012).

Tipo de germoplasma	Ecorregión	N° de accesiones evaluadas
Silvestre	Puna	13
	Chaco Seco	30
	Selva de Yungas	96
	Monte de Sierras y Bolsones	3
Variedad local	Puna	23
	Altos Andes	16
	Selva de Yungas	40
	Monte de Sierras y Bolsones	15
Total de accesiones		236

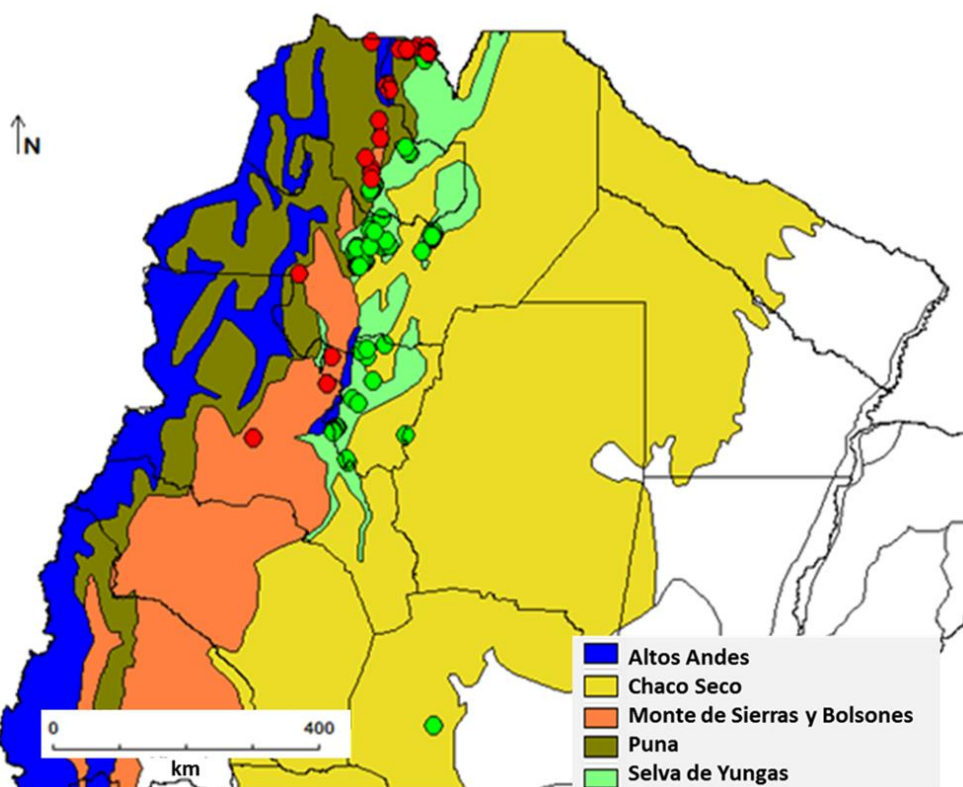


Figura 3.2. Sitios de recolección y ecorregiones de procedencia de las poblaciones silvestres (círculos verdes) y variedades locales (círculos rojos) estudiadas.

En la tabla I del anexo se presenta el origen geográfico y los datos de altitud de los sitios de colecta de las poblaciones y variedades locales estudiadas en este trabajo y la ecorregión a la que pertenece.

3.2 CARACTERIZACIÓN AGROMORFOLÓGICA

3.2.1 Localización de los ensayos

Los ensayos para la caracterización fenotípica se realizaron en el periodo comprendido entre los meses de octubre y junio de 2014 a 2016 en un campo localizado en el paraje San Miguel, Cachi adentro, situado en la localidad de Cachi, Departamento de Cachi en la provincia de Salta (Figura 3.3). Esta localidad se encuentra en la región norte de los Valles Calchaquíes, ubicada en la confluencia del Río Calchaquí con el Río Cachi, sus coordenadas son latitud 25° 7'11" S y longitud 66° 9'43" O y su altitud es de 2280 msnm. Las temperaturas medias varían desde los 18,6 °C en el mes de diciembre (mes más cálido) hasta los 9,6 °C en junio y julio (meses más fríos) y la precipitación media anual es 155 mm (Arias y Bianchi, 1996).

Esta región posee condiciones ecológicas similares a las de los sitios de colecta de las muestras que componen la colección. Los suelos son franco-arenosos y con baja capacidad de retención de agua, con pendientes elevadas (Menéndez-Sevillano, 2002). Las características climáticas y edáficas determinan que los cultivos sólo se pueden realizar bajo riego. Los principales cultivos son las hortalizas, judías (común y pallar), frutales, alfalfa y pimiento para pimentón. Anteriormente, las parcelas utilizadas para el ensayo se dedicaron al cultivo de alfalfa y pimiento.



Figura 3.3. Ensayo de caracterización en Cachi adentro, Salta.

3.2.2 Diseño de parcelas y labores culturales

Para la preparación de la parcela dedicada a los ensayos a campo se realizó una labor de arado y se demarcaron los surcos. Las siembras se realizaron en el mes de octubre, de forma manual y cada parcela experimental se señaló con estacas con el número de la parcela para su identificación.

Se analizaron 20 plantas de cada accesión evaluada. La distancia de siembra entre plantas fue de 70 cm y 100 cm entre parcelas.

Debido a que la mayor parte de las accesiones presenta un hábito de crecimiento indeterminado trepador (tipo IV, CIAT, 1984) se colocaron postes en las cabeceras de las parcelas y se colocó una caña como tutor para cada planta individual.

Se llevó a cabo una escarda manual entre plantas y mecánico entre parcelas cuando se consideró necesario, para eliminar la vegetación espontánea nacida entre ellas. El riego se aplicó por surco, una vez cada 15 días desde el momento de la siembra hasta la floración, por gravedad.

3.2.3 Caracteres agromorfológicos estudiados

La elección de los caracteres a evaluar es muy importante, y se deben considerar aquellos que sirvan para objetivos tanto taxonómicos (forma de la hoja, tamaño de las bractéolas, tamaño de la semilla) como por su interés desde el punto de vista genético, ya sea para estimar la diversidad genética como para su uso en la mejora del cultivo (ciclo del cultivo, rendimiento, promedio de vainas por planta). La elección de los caracteres se basó en trabajos genéticos y agronómicos (Puerta-Romero, 1961; CIAT, 1983; Vanderborcht, 1983; Singh, 1991; De la

Cuadra *et al.*, 2001), los descriptores del IBPGR (1982) y Bioversity (Debouck *et al.*, 2009) para la caracterización de la especie y además se tuvieron en cuenta experiencias previas de caracterización de germoplasma (Gil y De Ron, 1992; Santalla *et al.*, 1995; Menéndez-Sevillano, 2002).

Los caracteres se observaron en planta adulta. En algunos de ellos se consideró a las plantas en su conjunto y en otros se evaluaron partes de la misma, como se detalla a continuación.

3.2.3.1 Caracteres de semilla

La semilla de judía presenta distintos tamaños y formas. El tegumento seminal posee variados colores y diversos diseños que son característicos de las distintas variedades.

Atributos de las semillas utilizados en la caracterización:

Dimensiones de las semillas: Longitud, anchura y grosor, medidos a la altura del hilum. Se midieron 30 semillas por parcela, seleccionadas al azar, utilizando un calibre y registrando los datos en milímetros (mm).

Longitud de la semilla: Media de la longitud de 30 semillas expresada en mm. Se considera la longitud como la máxima dimensión de la semilla.

Anchura de la semilla: Media de la anchura de 30 semillas expresada en mm. La anchura se determina como la medida tomada desde el hilum de la semilla hasta su extremo opuesto.

Grosor de la semilla: Media del grosor de treinta semillas expresada en mm. El grosor se considera como la medida obtenida en la parte media de la semilla, con el hilum ubicado hacia arriba.

Peso de 100 semillas: Peso de 100 semillas tomadas aleatoriamente, expresado en gramos. El peso es un indicador del tamaño de la semilla, según la clasificación de Singh *et al.* (1991a) que categoriza el tamaño de la semilla en pequeña, mediana y grande, en función del peso (Tabla 3.3). Las accesiones con un peso de 100 semillas que excede los 40 g se clasifican dentro de la categoría extragrande

Tabla 3.3. Tamaño de la semilla en función de su peso.

Peso de 100 semillas	Tamaño
<25 g	Pequeña
25-40 g	Mediana
>40 g	Grande-Extragrande

3.2.3.2 Caracteres de hoja

Las hojas son trifolioladas con folíolos triangulares, con dos estípulas en la base del pecíolo y estípelas en la base de los folíolos. El folíolo central es simétrico y los laterales asimétricos.

Atributos de la hoja que se utilizan en la caracterización

Dimensiones del folíolo central de la hoja trifoliolada: Se seleccionó el foliolo central de cinco hojas completamente desarrolladas y en buen estado, libres de plagas, enfermedades o lesiones mecánicas, eligiendo entre la cuarta y la sexta hoja a partir de la primera hoja trifoliolada y se realizaron las siguientes mediciones:

Longitud total del folíolo central: Media de la longitud del folíolo central, en mm, tomada desde el punto del pecíolo donde se inserta la lámina foliar hasta el ápice.

Longitud basal del folíolo: Media de la longitud del folíolo central, en mm, tomada desde el punto donde se inserta la lámina foliar hasta el punto más ancho.

Anchura del folíolo central: Media de la anchura del folíolo central, en mm, medida en dirección perpendicular al nervio central en el punto más ancho del folíolo.

Forma del folíolo central: La forma del folíolo se definió considerando la relación entre la longitud y la anchura. Si el valor es inferior a uno la hoja tendrá forma orbicular, mientras que, si el valor supera a uno, tendrá forma lanceolada (Tabla 3.4).

Tabla 3.4. Forma del folíolo central.

Longitud / Anchura	Forma
>1	Lanceolada
<1	Orbicular

Ángulo basal: El ángulo basal se estableció en función de la relación entre la longitud basal y la longitud total del folíolo. Cuando los valores son inferiores a uno el ángulo basal será menor de 100°.

La forma del folíolo y el ángulo basal tienen características asociadas a ciertos grupos de poblaciones de una región geográfica específica y son de utilidad tanto para la caracterización del germoplasma como para investigaciones genéticas y evolutivas (Berglünd-Brücher y Brücher, 1976; Brücher, 1988; Singh, 1991; Singh *et al.*, 1991a).

3.2.3.3 Caracteres de la flor

La flor de la judía es la típica de las papilionáceas, la corola es dialipétala con cinco pétalos, un estandarte, dos alas y una quilla formada por la unión de dos pétalos. El cáliz es gamosépalo, campanulado, con cinco dientes triangulares y en la base del cáliz se encuentran dos bractéolas, estas piezas florales son de utilidad en la caracterización.

Atributos de la flor que se utilizaron para la caracterización

Se tomaron cinco flores aleatoriamente dentro de cada parcela o unidad experimental y se realizó la medición de una bractéola por cada flor. Las dimensiones se tomaron en el laboratorio utilizando un estereomicroscopio provisto de un ocular con escala.

Dimensiones de la bractéola de la flor:

Longitud de la bractéola: Media de la longitud de la bractéola, expresada en mm, tomada desde el punto de inserción de la bractéola hasta el ápice.

Anchura de la bractéola: Media de la anchura de la bractéola, expresada en mm, medida en la parte más ancha en dirección perpendicular al nervio central.

Con estos datos se determinaron índices para establecer la forma de la bractéola (Tabla 3.5).

Tabla 3.5. Forma de la bractéola.

Forma	Longitud/Anchura
Orbicular	= 1
Lanceolada	> 1

Número de nervaduras de la bractéola: Media del número total de nervaduras contadas en cinco bractéolas.

De acuerdo a lo expresado por Vanderborght (1983) y Brücher (1988), las características de las bractéolas permiten establecer hipótesis sobre la relación del germoplasma con los distintos centros de origen. Aquellos materiales que presenten bractéolas de forma lanceolada y con un número de nervaduras entre cinco y nueve están evolutivamente más relacionados con la forma silvestre andina (*Phaseolus vulgaris* var *aborigineus*, (Burk) Baudet). Las características opuestas, es decir la forma oblonga y un menor número de nervaduras, están relacionadas con la forma silvestre mesoamericana (Debouck, 2000). Estos caracteres también son útiles para estudios genéticos y de mejora (Singh *et al.*, 1990).

3.2.3.4 Caracteres de fruto

El fruto de la judía es una legumbre, con distintas formas tamaños, colores, textura y número de semillas. Deriva de un ovario unicarpelar, súpero con placentación marginal.

Atributos del fruto que se utilizaron en la caracterización

Dimensiones de la vaina a madurez fisiológica: Las dimensiones de la vaina se determinaron en vaina madura. Se tomó una muestra al azar de 20 vainas de las cosechadas en una parcela.

Longitud de la vaina: Media de la longitud obtenida a partir de 20 vainas, medida entre los extremos opuestos de la vaina en mm.

Anchura de la vaina: Media de la anchura de la vaina, obtenida a partir de 20 vainas, medida a la altura del segundo grano desde el ápice en mm.

Grosor de la vaina: Media del grosor de la vaina, obtenida a partir de 20 vainas, medido a la altura del segundo grano desde el ápice en mm.

Número de semillas por vaina: Media del número de semillas por vaina, obtenida a partir de 20 vainas tomadas al azar de la parcela, sin computar las semillas no desarrolladas.

3.2.3.5 Caracteres fenológicos y agronómicos

Los caracteres evaluados fueron:

Días a inicio de floración: Número de días desde la siembra hasta que el 50 % de las plantas de la parcela comienzan a poseer flores.

Días a maduración total: Número de días desde la siembra hasta que el total de las plantas presentan todas las vainas maduras. Se considera que están maduras cuando al presionarlas se desprenden sus semillas.

Promedio de vainas totales: Número total de vainas dividido el número de plantas de cada parcela.

Rendimiento: Peso del grano total dividido por el número de plantas de cada parcela, expresado en gramos.

En la tabla 3.6 se resumen los 21 caracteres agromorfológicos estudiados en los distintos órganos de la planta y en distintos estadios, indicando su clasificación, tipo y codificación utilizada para su identificación en este trabajo.

3.2.4 Análisis de datos

Con los registros de los caracteres cuantitativos se calcularon las medias generales, la desviación estándar y el rango de valores observados para cada uno de los grupos, silvestre y variedades locales. Además, se efectuó un Análisis de la Varianza (ANOVA) para comparar cada una de las variables estudiadas entre ambos grupos utilizando el programa InfoStat (Di Rienzo *et al.*, 2020). Se realizaron además gráficos para facilitar la interpretación de las variables utilizando el programa Excel del software Microsoft Office.

También se realizó un análisis multivariado, a partir de una matriz confeccionada con los datos cuantitativos. Se incluyeron todas las variables evaluadas con excepción de la forma y el ángulo basal del foliolo debido a que los valores para estas variables se calcularon a partir de la relación entre dos variables que también fueron incorporadas al análisis. La matriz de datos fue estandarizada y utilizada para calcular una matriz de correlación entre los caracteres y posteriormente se empleó para aplicar como método de ordenación un análisis de componentes principales (ACP), obteniéndose los correspondientes autovalores y autovectores con el programa NTSYS-pc versión 2.2 (Rohlf, 2009).

Tabla 3.6. Listado de caracteres agromorfológicos evaluados, clasificación según el tipo de carácter y codificación.

N°	Clasificación	Carácter	Tipo	Código
1	Semilla	Longitud (mm)	Cuantitativo	LS
2	Semilla	Anchura (mm)	Cuantitativo	AS
3	Semilla	Grosor (mm)	Cuantitativo	GS
4	Semilla	Peso100 semillas (g)	Cuantitativo	P100S
5	Foliolo	Longitud total del folíolo central (mm)	Cuantitativo	LF
6	Foliolo	Longitud basal del folíolo central (mm)	Cuantitativo	LBF
7	Foliolo	Anchura del folíolo central (mm)	Cuantitativo	AF
8	Foliolo	Forma del folíolo central	Cualitativo	FF
9	Foliolo	Ángulo basal del folíolo central (mm)	Cuantitativo	ABF
10	Flor	Longitud de la bractéola (mm)	Cuantitativo	LBR
11	Flor	Anchura de la bractéola (mm)	Cuantitativo	ABR
12	Flor	Forma de la bractéola	Cualitativo	FBR
13	Flor	Numero de nervaduras de la bractéola	Cuantitativo	NBR
14	Fruto	Longitud (mm)	Cuantitativo	LV
15	Fruto	Anchura (mm)	Cuantitativo	AV
16	Fruto	Grosor (mm)	Cuantitativo	GV
17	Fruto	Número de semillas/vaina	Cuantitativo	S/V
18	Fenológicos	Inicio floración (días)	Cuantitativo	IFL
19	Fenológicos	Madurez total (días)	Cuantitativo	MAD
20	Agronómicos	Promedio de vainas totales	Cuantitativo	VTOT
21	Agronómicos	Rendimiento (g)	Cuantitativo	REND

Con la matriz de datos de datos estandarizada también se calculó una matriz de distancia, utilizando el coeficiente de distancia euclídea, para realizar un análisis de agrupamiento. Se elaboró un dendrograma aplicando el método de agrupamiento del ligamiento promedio utilizando la media aritmética no ponderada o UPGMA (*unweighted pair group method using arithmetic average*) con los programas SAHN-clustering y TREE-plot de NTSYS-pc versión 2.2 (Rohlf, 2009). Se calculó también la correlación cofenética como medida de la bondad de ajuste del dendrograma a los datos de la matriz de similitud, para lo cual se realizó una prueba de Mantel (Mantel, 1967) con un test de 10000 permutaciones para analizar su nivel de significación, con el programa MXCOMP de NTSYS-pc.

3.3 CARACTERIZACIÓN GENOTÍPICA

Para la caracterización genotípica debido a los altos costes de las técnicas moleculares se evaluaron 115 accesiones (68 silvestres y 47 variedades locales), analizando un individuo por accesión, las cuales se seleccionaron aleatoriamente para muestrear las diferentes ecorregiones en el rango de distribución de la judía en Argentina. En la Tabla I del anexo se indican en negrita las accesiones a las que corresponden los genotipos evaluados, indicándose el grupo (silvestre o variedad local), datos de pasaporte y ecorregión a la que corresponden. El tejido vegetal

utilizado para el análisis molecular se extrajo de las plántulas originadas a partir de semillas que se pusieron a germinar, como se detalla a continuación.

3.3.1 Cultivo de plántulas

Se escarificaron 5 semillas de cada accesión, se esterilizaron superficialmente sumergiéndolas durante un 1 min en etanol 70%, 1 min en hipoclorito de sodio, 50% y se lavaron con agua. Luego se sembraron en macetas de plástico soplado de 11,50 cm de altura, con tierra fértil como medio de sostén y se mantuvieron en cámara de crecimiento durante 10 días a 25°C.

3.3.2 Extracción de ADN

La extracción del ADN se realizó empleando el protocolo de Doyle y Doyle (1990) modificado por Bornet y Branchard (2001). Se molió una muestra de 300 mg de tejido foliar agregando 1 ml de solución de CTAB (100 mM TrisHCl, 20 mM EDTA, 1,40 M NaCl, 0,20 % β mercaptoethanol, 2% CTAB) y se incubó en un tubo Eppendorf a 60 °C durante 30 min. Luego se adicionaron 600 μ l de una solución de cloroformo/isoamil alcohol (12:1), se agitó en vórtex y se centrifugó 5 min a 14.000 rpm. La fase acuosa se transfirió a otro tubo con el fin de precipitar el ADN y se adicionaron 600 μ l de isopropanol frío incubándose la mezcla a -20 °C durante toda la noche. Posteriormente, las muestras se centrifugaron durante 10 min a 14.000 rpm, se eliminó el sobrenadante y el pellet se lavó con 300 μ l de una solución de 75 % etanol /10 mM acetato de amonio. Se centrifugó 5 min a 14.000 rpm, se descartó el etanol y el ADN precipitado se secó para luego resuspenderlo en 50 μ l de buffer TE (10 mM TrisHCl, 1 mM EDTA). Finalmente se adicionó 2 μ l de RNAsa (10 μ g/ μ l; Sigma) incubándose 30 min a 37 °C.

La cantidad y calidad del ADN extraído se estimaron en un gel de agarosa 0,7% teñido con GelRed™ (Genbiotech, Argentina), utilizando como standard interno el marcador molecular 100 bp DNA Ladder (Genbiotech, Argentina). La cantidad de ADN de los 115 genotipos amplificados se cuantificó utilizando un espectrofotómetro Nano Drop.

3.3.3 Selección de marcadores microsatélites

Se seleccionaron 11 marcadores microsatélites: BM53, Gats91, BM172, Pvctt001, BMd20, PvM66, BM210, BM151, Pvat007, BMd42 y Pvag001 (Tabla 3.7) utilizados previamente en la caracterización de accesiones de *Phaseolus vulgaris* (Yu *et al.*, 2000; Gaitán-Solís *et al.*, 2002; Blair *et al.*, 2003; Hanai *et al.*, 2010). Para su elección se tuvo en cuenta su localización en diferentes grupos de ligamiento, de manera de que cada marcador se ubica en uno de los 11 grupos de ligamiento (cromosomas) establecidos para *P. vulgaris*, y el elevado nivel de polimorfismo observado en los trabajos previos en los que fueron empleados.

3.3.4 Reacciones de amplificación por PCR

El ADN de los 115 individuos se amplificó utilizando un equipo Li-cor DNA Analyzer 4300, incluyendo un dCTP fluorescente (CY5.5-DCTP, GE). La amplificación del ADN se realizó en un volumen de 5 μ l conteniendo 50 ng de ADN genómico, buffer de reacción 10X, 0,20 μ M mezcla de cebadores, 200 μ M dATP, dGTP, dTTP, 160 μ M dCTP, 0,12 μ M Cy5.5dCTP, 25 mM MgCl₂, 0,10 unidades de Taq ADN polimerasa (Promega Corporation). El programa de amplificación de ADN utilizado consistió en: 1 ciclo inicial de desnaturalización a 95°C durante 5 min, seguido de 30 ciclos que constan de una desnaturalización a 95°C durante 1 min, temperatura de annealing (Tabla 3.7) durante 1 min y una extensión a 72°C por 2 min, y un ciclo de extensión final a 72°C durante 10 min.

Tabla 3.7. Marcadores microsatélites utilizados, grupo de ligamiento (GL), secuencia y temperatura de hibridación (t^a). En negrita se muestran los marcadores genómicos.

GL	Nombre	Secuencia 5' - 3'	t ^a	Referencia
1	BM53	F: AACTAACCTCATACGACATGAAA R: AATGCTTGCACTAGGGAGTT	60 °C	Gaitán-Solís <i>et al.</i> , 2002
2	GATS91	F: GAGTGCGGAAGCGAGTAGAG R: TCCGTGTTCTCTGTCTGTG	60 °C	Gaitán-Solís <i>et al.</i> , 2002
3	BM172	F: CTGTAGCTCAAACAGGGCACT R: GCAATACCGCCATGAGAGAT	60 °C	Gaitán-Solís <i>et al.</i> , 2002
4	Pvctt001	F: GAGGGTGTTTTCACTATTGCTACTGC R: TTCATGGATGGTGGAGGAACAG	58,5 °C	Yu <i>et al.</i> , 2000
5	BMd20	F: GTTGCCACCGGTGATAATCT R: GTGAGGCAAGAAGCCTTCAA	56 °C	Blair <i>et al.</i> , 2003
6	PvM66	F: CCTCAGCAAGCTCCGTAAC R: CATGCAACCTGAAACACTCC	58 °C	Hanai <i>et al.</i> , 2010
7	BM210	F: ACCACTGCAATCCTCATCTTTG R: CCCTCATCCTCCATTCTTATCG	58 °C	Gaitán-Solís <i>et al.</i> , 2002
8	BM151	F: CACAACAAGAAAGACCTCCT R: TTATGTATTAGACCACATTACTTCC	60 °C	Gaitán-Solís <i>et al.</i> , 2002
9	PVat007	F: AGTTAAATTATACGAGGTTAGCCTAAATC R: CATTCCCTTCACACATTCACCG	57 °C	Yu <i>et al.</i> , 2000
10	BMd42	F: TCATAGAAGATTTGTGGAAGCA R: TGAGACACGTACGAGGCTGTAT	58 °C	Blair <i>et al.</i> , 2003
11	PVag001	F: CAATCCTCTCTCTCATTCCAATC R: GACCTTGAAGTCGGGTCGTTT	57 °C	Yu <i>et al.</i> , 2000

Los fragmentos amplificados se separaron mediante electroforesis en geles de poliacrilamida 6% corridos en el equipo Li-cor DNA Analyzer 4300. A partir de los resultados se generó una tabla de datos indicando el peso molecular en pares de bases de los fragmentos amplificados para cada uno de los genotipos con los diferentes marcadores analizados. No se obtuvieron productos de amplificación para el marcador Pvat007.

3.3.5 Análisis de datos

3.3.5.1 Análisis de la diversidad genética

Para los 115 individuos se evaluó el número de alelos (Na), la frecuencia alélica, diversidad genética, heterocigosidad e Índice de contenido polimórfico, en los loci polimórficos observados. El Contenido de Información Polimórfica (PIC) se calcula según Botstein *et al.* (1980) como:

$$PIC = 1 - \sum_{i=1}^k P_i^2 - \sum_{i=1}^{k-1} \sum_{j=i+1}^k 2p_i^2 p_j^2$$

Donde:

P_i=Frecuencia del i-ésimo alelo

P_j=Frecuencia del j-ésimo alelo

K=número de alelos

La diversidad genética, frecuentemente se refiere a la heterocigosidad esperada y puede ser definida como la probabilidad de que dos alelos que sean escogidos aleatoriamente de la población sean diferentes. Según Weir (1996) un estimador de la diversidad genética en el l-ésimo locus es:

$$D_i = (1 - \sum_{i=1}^l P_i^2) / (1 - 1/n)$$

Donde:

f= Coeficiente de endogamia

i= alelos en el locus l

l= l-ésimo locus

P_i=frecuencia del alelo i en el l-ésimo locus de la población

n=número de individuos muestreados

Todos estos parámetros fueron obtenidos mediante el programa PowerMarker (Liu y Muse, 2005).

Para realizar la comparación entre los grupos silvestre y variedades locales se determinó el número de alelos (N_a), número de alelos efectivos (N_e: calculado como $N_e = 1/\sum p_i^2$, donde p_i es la frecuencia del alelo "i", Kimura y Crow, 1964), alelos raros o privados, Índice de información de Shannon (I: calculado como $I = -\sum [p_i \times \ln(p_i)]$, King y Schaal, 1989), Heterocigosidad observada (H_o), Heterocigosidad esperada (H_e) y el Índice de Fijación (F). Todos estos parámetros se calcularon con el programa GenAlEx 6.5 (Peakall y Smouse, 2012).

3.3.5.2 Estructura genética.

Para este análisis se utilizó el programa STRUCTURE versión 2.3.4 (Pritchard *et al.*, 2000) con el fin de determinar la posible existencia de estructura genética en el conjunto de genotipos analizados. Este programa tiene la capacidad de agrupar individuos sobre la base de sus datos genotípicos, mediante el uso de métodos bayesianos. Así, facilita la estimación del número más probable (K) de grupos de individuos con similitudes genéticas, además de asignar a cada genotipo la probabilidad de pertenencia a cada uno de los grupos establecidos. Se utilizó un modelo de "mezclas" (admixture model) en el que cada genotipo refleja proporciones de su genoma asociadas a cada uno de los K grupos establecidos. El grado de mezcla (alpha) se infirió por defecto a partir de los datos, mientras que el parámetro de distribución de frecuencias alélicas (lambda) se estableció en un valor constante de 1 (Pritchard *et al.*, 2010). Se realizaron 10000 iteraciones iniciales (burn-in) antes de comenzar a recoger datos para el análisis, con el propósito de reducir el impacto de la configuración inicial; posteriormente, se llevaron a cabo 100000 iteraciones MCMC (Markov chain Monte Carlo) para la estimación de los distintos parámetros. Dado que cada simulación puede resultar en diferentes valores de probabilidad (Evanno *et al.*, 2005), se realizaron 20 simulaciones o repeticiones independientes para cada conjunto de datos correspondientes a los diferentes valores de K. Para determinar el valor óptimo de K, el programa proporciona un valor LnP(D) para cada K, que representa una estimación promedio de la probabilidad posterior de los datos para esos valores de K. Así, se puede inferir el número óptimo de grupos a partir del valor K que presente el máximo valor de probabilidad posterior (Zeisset y Beebee, 2001; Hampton *et al.*, 2004). Una vez que se determinó el número óptimo de grupos, se calculó la probabilidad de asignación de cada uno de los 115 genotipos a cada uno de los K grupos establecidos.

3.3.5.3 Análisis de la varianza molecular

El análisis de varianza molecular, AMOVA (Excoffier *et al.*, 1992; Michalakis y Excoffier, 1996), se empleó para analizar cómo está distribuida la varianza genética tanto entre los grupos de individuos establecidos (silvestres y variedades locales) como dentro de cada uno de esos grupos y probar su significancia. Se analizó la variabilidad entre y dentro de los diferentes grupos y la variabilidad entre y dentro de las diferentes ecorregiones (Monte de Sierras y Bolsones, Yungas, Chaco Seco, Puna y Altos Andes) a las que pertenecen los individuos evaluados.

El procedimiento se basó en un análisis de varianza empleando las distancias entre haplotipos. El término haplotipo se utilizó para designar los patrones multilocus o perfiles de bandas obtenidos como lo utilizan Cattani-Toupance *et al.* (1998) y Papa y Gepts (2003). Para establecer el nivel de significación de los componentes de la varianza se obtuvo el estadístico ϕ (similar al estadístico F) mediante 10000 permutaciones al azar. La probabilidad de obtener por azar un estadístico mayor que el observado se tomó como el nivel de significación estadística. Para el análisis de varianza molecular se utilizó el software Arlequín versión 2.0 (Schneider *et al.*, 2002).

3.3.5.4 Análisis de las relaciones genéticas

A partir de los fragmentos amplificados se generó una matriz binaria de datos, registrando la presencia (1) o ausencia (0) de bandas. Con esta información se calculó una matriz de distancia genética utilizando el coeficiente de distancias $D_d = 1 - SD$, donde SD representa el coeficiente de similitud de Dice (1945). Con los programas SAHN-clustering y TREE-plot de NTSYS-pc versión 2.2 (Rohlf, 2009) se elaboró un dendrograma utilizando el método de agrupamiento del ligamiento promedio y la media aritmética no ponderada o UPGMA (unweighted pair group method using arithmetic average). Para estimar el ajuste del dendrograma a los datos de la matriz de similitud se calculó la correlación cofenética utilizando una prueba de Mantel (1967) con 10000 permutaciones, con el programa MXCOMP de NTSYS-pc (Rohlf, 2009)

Se realizó un análisis de coordenadas principales (ACoP), utilizando las distancias genéticas, para ordenar los individuos en un espacio de dos dimensiones (Gotelli y Ellison, 2004). Se calculó una matriz utilizando el Coeficiente de distancia de Dice. Posteriormente se utilizaron las herramientas DCENTER y EIGEN de NTSYS-pc, para luego generar los gráficos correspondientes en dos dimensiones con la herramienta MXPLOT, también del paquete NTSYS-pc (Rohlf, 2009).

Por último, se aplicó la técnica de Neighbor Joining (NJ) (Saitou y Nei, 1987). En el algoritmo de Neighbor Joining (vecino más próximo) las unidades de estudio (OTUs) se conectan con aquellas más cercanas, de manera tal que se minimiza la longitud total del árbol (Pearson *et al.*, 1999). Los árboles de NJ se representan generalmente como redes (networks) o árboles sin raíz. Para la construcción del árbol se utilizó el programa PowerMarker (Liu y Muse, 2005) y para la visualización el programa Treeview (Page, 1996).

3.4 CARACTERIZACIÓN ECOGEOGRÁFICA

La caracterización ecogeográfica puede definirse como el estudio de todos los datos ambientales de un sitio específico en el que se desarrolla un individuo o una población. Esta información es fundamental para comprender su adaptación a las condiciones bióticas y abióticas de su entorno (Parra-Quijano *et al.*, 2014).

Para analizar el componente abiótico se utilizaron las herramientas del programa CAPFITOGEN (Parra-Quijano *et al.*, 2014). El estudio se centró en tres aspectos

fundamentales, los que son frecuentemente empleados en estudios de adaptación de cultivos (Ceballos-Silva y López-Blanco, 2003) o zonificación agrícola (Williams *et al.*, 2008). El primer componente es el bioclimático, que considera la temperatura y la precipitación, además de los índices que modelan su interrelación. El segundo es el geofísico, el cual agrupa factores determinantes del relieve y la topografía, especialmente vinculados con la radiación solar. El tercer componente es el edáfico, que analiza las características fisicoquímicas del suelo que son vitales para el crecimiento de la vegetación.

Caracterizar ecogeográficamente una colección de germoplasma implica atribuir a cada accesión un conjunto de datos bioclimático, geofísico y edáfico específicos de su lugar de recolección. Esta información permite identificar rasgos adaptativos del germoplasma. Sin embargo, su potencial se revela cuando se analiza de manera conjunta con otros tipos de estudios, como las caracterizaciones fenotípica o genotípica, proveyendo un marco explicativo para los patrones genéticos observados (Parra Quijano *et al.*, 2022).

3.4.1 Elaboración de un mapa de caracterización ecogeográfica del terreno

La visualización de los distintos escenarios ambientales, que pueden corresponder a procesos adaptativos específicos de una especie vegetal en un territorio, se logra mediante la elaboración de mapas de caracterización ecogeográfica del terreno o mapas ELC (*Ecogeographical Land Characterization*). Estos mapas constituyen un recurso de gran utilidad para las estrategias de conservación y el uso de la agrobiodiversidad y se pueden obtener utilizando la herramienta ELC-mapas del programa CAPFITOGEN (Parra-Quijano *et al.*, 2014).

A partir de las consultas bibliográficas y el conocimiento de la especie se elaboró un listado potencial de variables correspondientes a los componentes bioclimático, geofísico y edáfico. Para seleccionar las variables mínimas necesarias para explicar la ocurrencia de diferentes escenarios adaptivos se aplicó la herramienta SelecVar de CAPFITOGEN (Parra-Quijano *et al.*, 2014), empleando como filtros secuenciales los análisis Random Forest (RF), Análisis de componentes principales (ACP) y Análisis de correlaciones bivariadas (ACB).

Tras la aplicación de estos filtros se obtuvo la lista final de variables que se utilizaron para la elaboración del mapa ELC y que se detallan a continuación:

- a) bioclimáticas: precipitación anual, precipitación del trimestre más frío (3 meses más fríos), precipitación del trimestre más seco (3 meses más secos), temperatura media del mes de octubre y temperatura media del trimestre más frío (3 meses más fríos) (Fuente: base de datos Worldclim v 1.4). Estas variables se incluyeron dentro del listado confeccionado previamente teniendo en cuenta factores que pueden influir en periodos críticos para el cultivo como la ocurrencia de bajas temperaturas y/o heladas en fechas cercanas a la siembra o a la cosecha, las precipitaciones durante la época de floración y en el momento de llenado de grano y resultaron seleccionadas como las variables mínimas necesarias para explicar la ocurrencia de diferentes escenarios adaptivos luego de la aplicación de herramienta SelecVar. El mismo procedimiento se aplicó para la selección de las variables de los dos componentes restantes.
- b) geofísicas: altitud, pendiente del terreno, longitud y latitud. (Fuente: base de datos Worldclim v 1.4)
- c) edáficas: contenido de arcilla en suelo superficial, contenido de arena en suelo superficial, contenido de limo en suelo superficial, capacidad de intercambio catiónico en suelo superficial, pH en suelo superficial, salinidad en suelo superficial y salinidad en subsuelo (Fuente: base de datos armonizada mundial HWSD v 1.21).

Para determinar el número óptimo de grupos se utilizó el método de agrupamiento de partición alrededor de los medoides (Parra-Quijano *et al.*, 2014), el cual utiliza el método de silhouette de interpretación y validación del número de grupos (Kaufmann y Rousseeuw, 1987) y que fue descrito como el más preciso y sofisticado por Meza-Linares (2014).

Utilizando las coordenadas de cada lugar de recolección se elaboró un mapa vectorial de puntos y este se superpuso al mapa ELC obtenido previamente. Con la función "*Extract values by points*" del programa DIVA-GIS (Hijmans *et al.*, 2001) se asignó el valor de categoría correspondiente a cada sitio de recolección y se cuantificó el número de accesiones encontradas en cada una de las categorías ecogeográficas establecidas.

3.4.2 Análisis espacial de la diversidad

El análisis espacial de la diversidad se realizó a partir de mapas de diversidad elaborados con la herramienta DIV-mapas de CAPFITOGEN (Parra-Quijano *et al.*, 2014). Esta herramienta calcula medidas de diversidad local, enfocándose en las accesiones recolectadas dentro de una cuadrícula de tamaño específico y su área de influencia. La información utilizada para este cálculo puede ser ecogeográfica, fenotípica o genotípica. El resultado es una representación gráfica tipo mapa que muestra los valores de diversidad distribuidos en el espacio, lo que facilita la identificación de zonas calientes de diversidad genética.

Partiendo de las coordenadas de cada sitio de recolección, se genera un entorno de trabajo al que se le superpone una cuadrícula de celdas cuadradas. Para esto, se debe establecer la resolución de las celdas y el tamaño de las áreas circulares de influencia. Este proceso genera una lista de accesiones por celda, lo que permite construir matrices iniciales con los datos de caracterización. De esta manera se obtiene una matriz inicial por cada celda con accesiones y celdas vecinas identificadas. Cada matriz inicial es sometida a estandarizaciones de datos si se emplean variables cuantitativas. Luego se aplica un coeficiente de distancia o de similaridad/disimilaridad, obteniéndose una matriz diagonal de distancia con la que se calcula la distancia promedio de las accesiones involucradas y este valor se asigna a su respectiva celda. Como resultado se obtienen mapas de celdas ráster que muestran los valores de los parámetros de diversidad asignados, los cuales pueden visualizarse con el programa DIVA-GIS (Hijmans *et al.*, 2001). Este programa utiliza una escala de colores para facilitar la identificación rápida de las zonas con mayores niveles de diversidad.

3.4.2.1 Análisis espacial de la diversidad fenotípica.

Inicialmente, se evaluó la correlación entre la matriz de distancias euclídeas obtenida con los datos agromorfológicos cuantitativos y la matriz de distancias geográficas entre accesiones, realizando una prueba de Mantel (Mantel, 1967) con el programa MXCOMP del programa NTSYS-pc 2.2 (Rohlf, 2009). Se utilizaron 10000 permutaciones, para establecer su nivel de significancia.

Luego se procedió a generar un mapa de diversidad fenotípica utilizando la herramienta DIV-mapas de CAPFITOGEN (Parra-Quijano *et al.*, 2014). Dada la extensa distribución de la especie en Argentina, se definió una resolución de celdas de 5 km por lado y un área de influencia con un radio de 15 km. Cada matriz inicial fue estandarizada y empleada para calcular los valores promedio de distancia euclídea para cada celda.

3.4.2.2 Análisis espacial de la diversidad genotípica

Para este análisis se realizaron dos aproximaciones. Primero, se estimó la correlación entre la composición genética de los 115 individuos estudiados y su distribución geográfica, aplicando la prueba de Mantel (Mantel, 1967) a dos matrices: una de distancia genética,

calculada con el coeficiente de Dice (1945), y otra de distancia geográfica entre los sitios de recolección de los individuos. La herramienta utilizada fue la función MXCOMP del programa NTSYS-pc 2.02 (Rohlf, 2009).

Como complemento de este análisis, se generó un mapa de diversidad con la herramienta DIV-mapas de CAPFITOGEN (Parra Quijano *et al.*, 2014) con una resolución de celdas de 5x5 km y un área circular de influencia con un radio de 15 km. Con los datos de presencia/ausencia de alelos de los microsatélites utilizados se calcularon las distancias genéticas, empleando el coeficiente de distancias $Dd=1-SD$, donde SD representa el coeficiente de similitud de Dice (1945). Estos valores se asignaron a sus respectivas celdas. Finalmente se elaboró un mapa de densidad de genotipos analizados por celda y un mapa con la proporción de alelos polimórficos para cada grupo de individuos analizados dentro de cada área de influencia.

3.4.2.3 Análisis espacial de la diversidad ecogeográfica

La diversidad ecogeográfica de un conjunto de accesiones refleja las diferencias entre los escenarios adaptativos de donde provienen dichas accesiones, es decir, los sitios de recolección. El término "escenario adaptativo" se prefiere sobre "ambiente" debido a que para estimar la diversidad ecogeográfica solo se contemplan las características ambientales abióticas más influyentes en la distribución y presencia de la especie estudiada, en lugar de todas las características ambientales disponibles (Parra-Quijano *et al.*, 2022). Para analizar la diversidad ecogeográfica se realizó un mapa con la herramienta DIV-mapas de CAPFITOGEN (Parra Quijano *et al.*, 2014), con una resolución de celda de 5 km x 5 km y áreas circulares de influencia con un radio de 15 km. La caracterización ecogeográfica se llevó a cabo extrayendo información para las coordenadas de cada uno de los sitios de colecta de los 115 individuos estudiados, utilizando las capas de información ambiental seleccionadas tal como se detalló en la sección 3.4.1. Los datos ecogeográficos se estandarizaron y se usaron para calcular las distancias euclídeas promedio, asignando este valor a cada celda. Además, el mapa de densidad de accesiones analizadas por celda se incorporó a este análisis para facilitar la interpretación de los patrones de diversidad ecogeográfica observados.

3.5 ANÁLISIS DE FLUJO GÉNICO

A fin de evaluar la ocurrencia de flujo génico entre poblaciones silvestres y variedades comerciales de judías se seleccionaron cuatro accesiones correspondientes a poblaciones silvestres, colectadas en sitios situados a una distancia cercana e intermedia a zonas de cultivo de variedades comerciales de judías, teniendo en cuenta los datos de pasaporte, y se analizaron utilizando caracteres morfológicos y marcadores microsatélites. Las poblaciones silvestres se clasificaron teniendo en cuenta la distancia a sitios de cultivo como cercanas, si se encontraban a menos de 3 km de distancia de un sitio de cultivo e intermedias, si se encontraban entre 4-10 km de distancia a un sitio de cultivo (Tabla 3.8 y Figura VII del anexo). Considerando que cuando se colectaron las accesiones silvestres no se tomaron muestras de semillas de las variedades comerciales cultivadas en las proximidades, para el análisis se incluyeron cuatro variedades comerciales de judía seleccionadas por su amplia difusión y uso en las zonas cercanas a los sitios en los que crecen naturalmente las poblaciones silvestres de judía evaluadas. No se incluyeron variedades locales debido a que en la zona de estudio éstas no se cultivan. Se consideró además la distancia de las poblaciones silvestres a la población silvestre más cercana.

Tabla 3.8. Poblaciones evaluadas para el análisis de flujo génico, sitio, departamento y provincia de origen. Se indica con un código la distancia de la población evaluada a zonas de cultivo de judía (Ca: población cercana a; Cb: población cercana b; la: población intermedia a; lb: población intermedia) y la distancia a la población silvestre más cercana.

Población	Código	Sitio	Departamento	Provincia	Distancia a zonas de cultivo de judía	Distancia a población silvestre más cercana
BNOA482	Ca	Escoipe	Chicoana	Salta	Cercana (220 m)	3000 m
BNOA484	Cb	Escoipe	Chicoana	Salta	Cercana (3000 m)	3000 m
BNOA486	la	Escoipe	Chicoana	Salta	Intermedia (4000 m)	650 m
BNOA490	lb	El Infiernillo	Chicoana	Salta	Intermedia (9000 m)	6300 m

Para este análisis se utilizaron caracteres morfológicos y marcadores microsátélites. Se registraron caracteres morfológicos de vaina (largo, ancho, grosor y número de semillas por vaina) y de semillas (largo, ancho y grosor) de 10 individuos por población siguiendo la metodología descrita en la sección 3.2.3. Para el análisis de los datos morfológicos se calcularon las medias generales y se efectuó también el Análisis de la Varianza (ANOVA) para comparar cada una de las variables estudiadas entre las poblaciones silvestres y las variedades comerciales evaluadas utilizando el programa InfoStat (Di Rienzo *et al.*, 2020) siguiendo la metodología descrita en la sección 3.2.4. También se realizó un análisis de componentes principales utilizando el programa NTSYS-pc versión 2.2 (Rohlf, 2009).

Para la caracterización molecular se evaluaron 10 individuos por población empleando 15 marcadores microsátélites. Se utilizaron los marcadores GATS91, BM172, PVctt001, BMd20, PvM66, BM210, BM151, PVat007, BMd42 y PVag001, que fueron descriptos en la Tabla 3.7, y se adicionaron al análisis los marcadores que se indican en la Tabla 3.9.

La extracción de ADN se realizó a partir de plántulas utilizando el mismo protocolo y procedimiento descrito en la sección 3.3.2. El ADN de los individuos se amplificó en reacciones de 10 μ l conteniendo 50 ng de ADN genómico, buffer de reacción 10X, 0,20 μ M mezcla de cebadores, 125 μ M de cada dNTP, 25 mM MgCl₂, 0,10 unidades de Taq ADN polimerasa (Promega Corporation). Se utilizó un termociclador Eppendor Mastercycler con el siguiente programa: 1 ciclo inicial de desnaturalización a 95°C durante 5 min, seguido de 30 ciclos que constan de una desnaturalización a 95°C durante 1 min, temperatura de annealing del marcador (Tablas 3.7 y 3.9) durante 1 min y una extensión a 72°C por 2 min, y un ciclo de extensión final a 72°C durante 10 min. Los fragmentos amplificados se visualizaron mediante electroforesis en geles de acrilamida/bisacrilamida 24:1 teñidos con GelRedTM.

La determinación del peso molecular de los alelos se realizó a partir de la comparación con un marcador de peso molecular 100 bp DNA ladder (Genbiotech, Argentina). Luego se generó una matriz de datos conteniendo la información de los alelos para cada uno de los individuos analizados. Empleando el programa GenAlEx 6.5 (Peakall y Smouse, 2012) se comparó el número de alelos, número de alelos efectivos, alelos raros o privados y el Índice de información de Shannon, utilizando la metodología descrita en la sección 3.3.5.1. Utilizando el Programa Infostat (Di Rienzo *et al.*, 2020) se realizaron además dos análisis de conglomerados, a partir de los datos morfológicos, utilizando el coeficiente de distancia euclídea y la metodología descrita en la sección 3.2.4 y los moleculares, utilizando la distancia de Dice y la metodología descrita en la sección 3.3.5.4.

Se evaluó además la correlación entre las matrices de distancia geográfica y distancia genética a través de una prueba de Mantel (Mantel, 1967) utilizando el procedimiento MXCOMP del paquete NTSYS-pc 2.2 (Rohlf, 2009) con 10000 permutaciones.

Tabla 3.9. Marcadores microsatélites que se sumaron para el análisis de flujo génico, secuencia, grupo de ligamiento (GL) y temperatura de annealing (t^a). En negrita se indican los marcadores genómicos.

GL	Nombre	Secuencia 5' - 3'	t ^a	Referencia
GL 1	BM157	F: ACTTAACAAGGAATAGCCACACA R: GTTAATTGTTTCCAATATCAACCTG	60 °C	Gaitán-Solís <i>et al.</i> , 2002
GL 2	BM143	F: GGGAAATGAACAGAGGAAA R: ATGTTGGGAACTTTTAGTG TG	55 °C	Gaitán-Solís <i>et al.</i> , 2002
GL 3	Bmd1	F: CAAATCGCAACACCTCACAA R: GTCGGAGCCATCATCTGTTT	50 °C	Blair <i>et al.</i> , 2003
GL 7	BM201	F: TGGTGCTACAGACTTGATGG R: TGTCACCTCTCTCCTCCAAT	60 °C	Gaitán-Solís <i>et al.</i> , 2002
GL 8	BMd44	F: GGCAGCTTACTAACCCGAAA R: TTCCTTCCCCTTTCTTCTCC	56,5 °C	Blair <i>et al.</i> , 2003

4 RESULTADOS

4.1 CARACTERIZACIÓN AGROMORFOLÓGICA

4.1.1 Análisis univariado

Los valores promedio, mínimo, máximo y el coeficiente de variación (CV) de los 20 caracteres agromorfológicos cuantitativos evaluados en las poblaciones silvestres y las variedades locales se muestran en la tabla 4.1.

En las Tablas II a V del anexo se muestra el resultado promedio de las observaciones de los 20 caracteres cuantitativos en las 236 accesiones evaluadas, la desviación estándar y los valores mínimos y máximos observados en las poblaciones silvestres y las variedades locales y el total general de la especie.

Cuando se compararon las poblaciones silvestres y las variedades locales no se observaron diferencias significativas para el inicio de floración y los días a madurez a partir del análisis de la varianza ($p = 0,1100$ y $p = 0,2278$, respectivamente). La mayoría de las poblaciones silvestres (74%) floreció entre los 90 y los 120 días después de la siembra, mientras que para las variedades locales el inicio de floración ocurrió en su mayoría después de los 90 días (Figura 4.1).

La mayoría de las poblaciones silvestres maduraron antes de los 180 días (Figura 4.2), con un valor máximo de 204 días para BNOA588 que fue la accesión con el ciclo más largo. Con respecto a las variedades locales el tiempo de madurez varió entre 108 (BNOA198) y 204 días (BNOA111, BNOA112, BNOA145 y BNOA285) (Tabla II del anexo) madurando la mayoría de las variedades locales (62%) antes de los 161 días (Figura 4.2).

Cuando se compararon el resto de los caracteres evaluados para hojas, vainas, semillas y bractéolas de la flor se observaron diferencias significativas entre las poblaciones silvestres y las variedades locales (Tabla 4.1). El promedio correspondiente a las variedades locales fue mayor para casi la totalidad de las variables con excepción de la forma del foliolo central, el número de semillas por vaina y el promedio de vainas totales que fue mayor para las accesiones silvestres (Tabla 4.1 y Figura 4.3).

También se observó que las variedades locales presentaron en todas las variables agromorfológicas, excepto en el ángulo basal de foliolo, un mayor coeficiente de variación que las accesiones silvestres, siendo estas últimas más uniformes en las variables evaluadas (Tabla 4.1 y Figura 4.3).

En el índice que determina la forma del foliolo central todas las accesiones, tanto silvestres como variedades locales; presentaron valores superiores a 1, lo que indica que todas presentaron foliolos lanceolados (Tabla II anexo).

En cuanto al ángulo basal, el valor promedio tanto en las poblaciones silvestres como en las variedades locales fue menor a uno (Tabla II anexo), siendo indicativo de la presencia de un ángulo basal menor de 100° para todas las accesiones.

Tabla 4.1. Media, mínimo, máximo y coeficiente de variación (CV) de los caracteres por grupo (silvestres y variedades locales). El asterisco indica diferencias significativas para $P < 0.0001$ como resultado del ANOVA realizado entre los grupos silvestre y variedades locales.

Carácter (unidad)	Silvestres				Variedades locales			
	Media	Mínimo	Máximo	CV	Media	Mínimo	Máximo	CV
Inicio floración (días)	110,00	76,00	150,00	12,46	113,46	46,00	141,00	17,09
Días a madurez	161,01	120,00	204,00	11,24	163,95	108,00	204,00	11,26
Longitud foliolo (mm) *	67,70	50,40	84,60	10,13	95,62	70,80	134,20	15,11
Longitud basal foliolo (mm) *	19,77	13,40	27,80	13,51	30,36	18,60	43,40	19,10
Ancho foliolo (mm) *	46,86	36,00	58,60	10,66	71,08	46,40	105,20	16,12
Forma foliolo*	1,45	1,23	1,63	5,65	1,35	1,12	1,65	6,76
Angulo basal foliolo *	0,29	0,18	0,38	13,95	0,32	0,25	0,39	10,77
Longitud de la vaina (mm) *	75,71	62,38	86,65	6,94	117,12	79,45	180,95	12,29
Ancho de la vaina (mm) *	6,73	5,10	9,10	9,17	10,98	7,70	14,69	12,85
Grosor de la vaina (mm) *	5,45	3,81	6,32	9,22	8,54	6,06	11,58	12,80
N° de semillas por vaina *	5,92	5,00	7,00	7,81	5,16	4,00	7,00	13,12
Promedio de vainas totales*	2408,07	107,00	6437,00	69,37	1113,38	98,00	4696,00	87,37
Rendimiento (g)*	833,49	17,72	2759,14	79,49	1823,91	31,25	9569,10	109,10
Longitud de la semilla (mm)*	7,65	6,36	8,82	7,04	13,00	8,92	17,66	13,00
Ancho de la semilla (mm)*	4,98	4,22	5,84	6,66	7,98	5,81	10,18	10,51
Grosor de la semilla (mm)*	2,68	2,11	3,37	9,64	5,72	3,69	7,42	13,53
Peso 100 semillas *	8,24	5,32	12,88	18,49	44,19	16,38	78,00	29,71
N° de nervaduras de la bractéola *	8,53	5,00	12,00	16,45	9,41	6,00	15,00	18,32
Longitud de la bractéola (mm) *	4,09	2,92	5,28	11,03	4,97	3,66	6,77	12,06
Ancho de la bractéola (mm) *	2,53	1,61	3,30	12,33	3,08	2,11	4,58	17,12

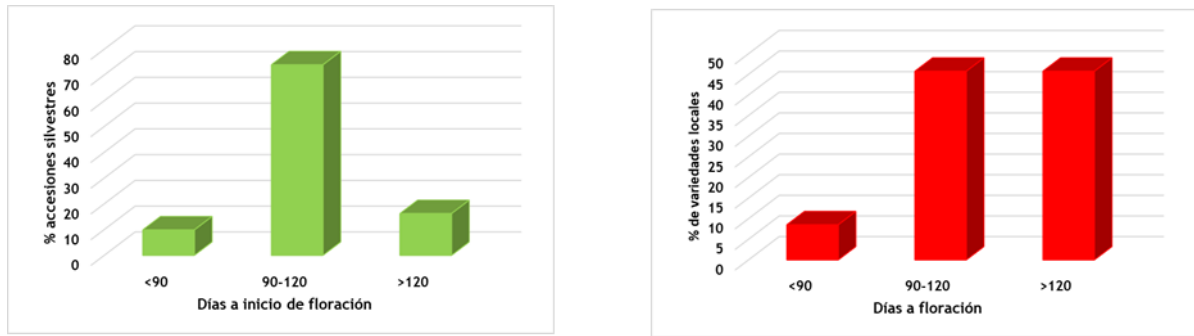


Figura 4.1. Porcentaje de las poblaciones silvestres (verde) y de las variedades locales (rojo) correspondientes a las distintas clases establecidas para evaluar los días a inicio de floración.

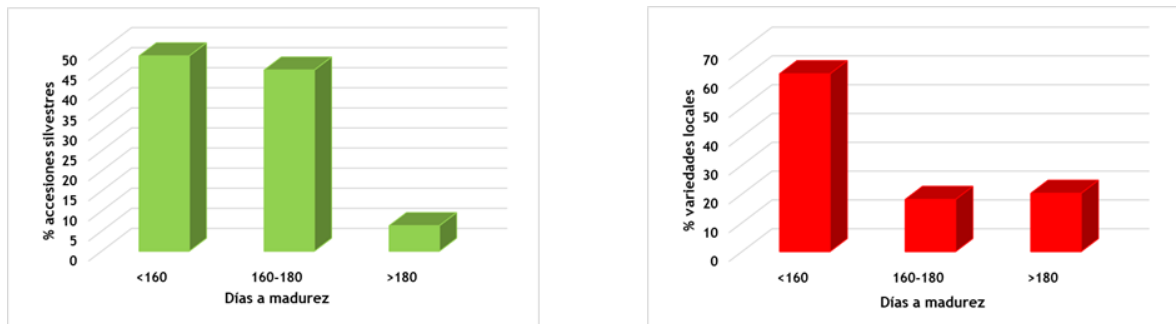


Figura 4.2. Porcentaje de las poblaciones silvestres (verde) y de las variedades locales (rojo) correspondientes a las distintas clases establecidas para evaluar los días a madurez.

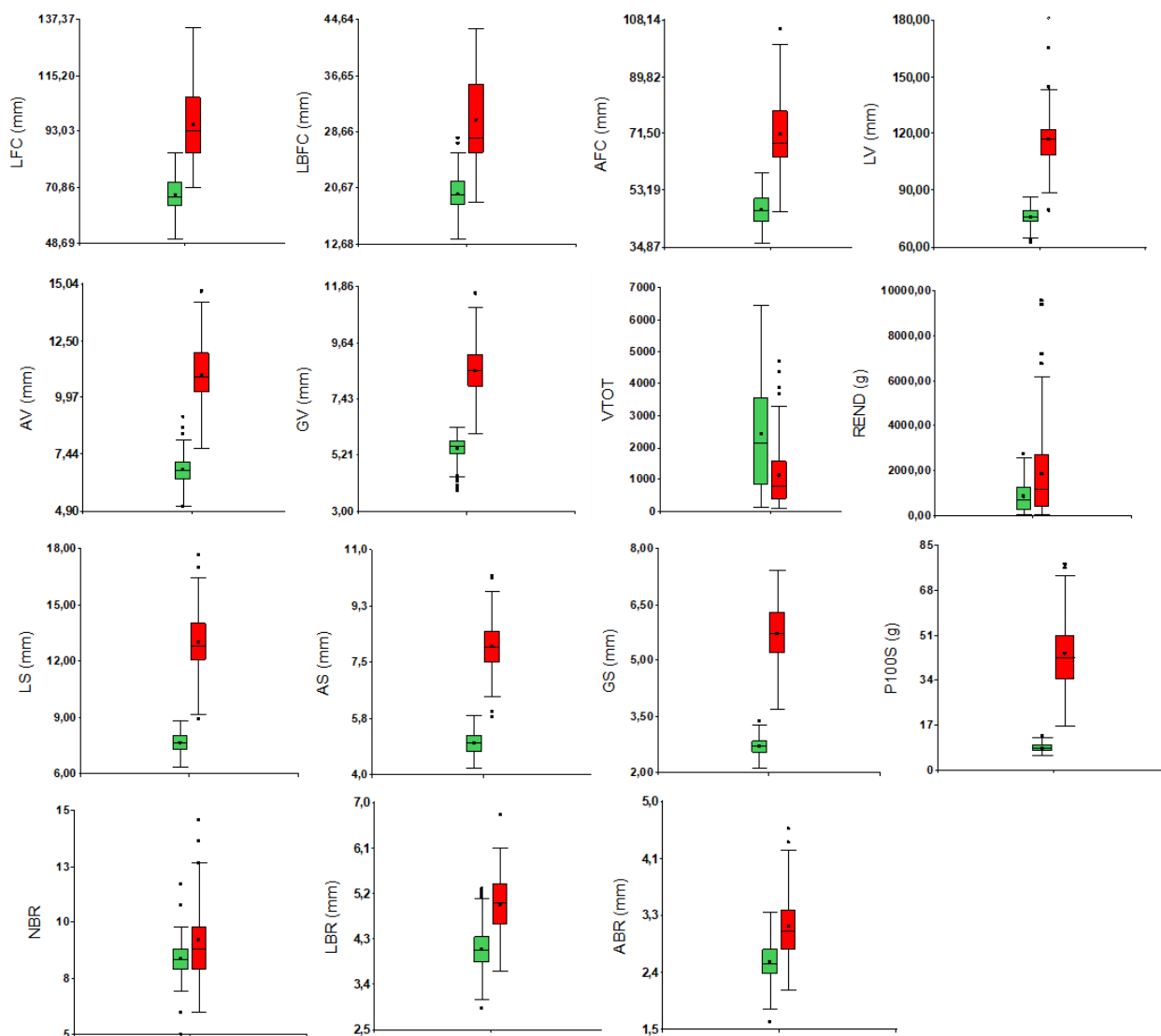


Figura 4.3. Caracteres agromorfológicos de las 236 accesiones de judía evaluadas. Los diagramas de caja se basan en los valores de longitud del foliolo central (LFC), longitud basal del foliolo central (LBFC), ancho del foliolo central (AFC), longitud de la vaina (LV), ancho de la vaina (AV), grosor de la vaina (GV), promedio de vainas totales (VTOT), rendimiento (REND), longitud de semilla (LS), ancho de semilla (AS), grosor de semilla (GS), peso de 100 semillas (P100S), n° de bractéolas (NBR), longitud de la bractéola (LBR) y ancho de la bractéola (ABR). Las barras verdes corresponden a las accesiones silvestres y la barra roja a las variedades locales)

Con respecto al rendimiento, solo el 6 % de las poblaciones silvestres presentaron un rendimiento mayor a 2000 g mientras que para las variedades locales esta cifra alcanzó el 31% (Figura 4.4)

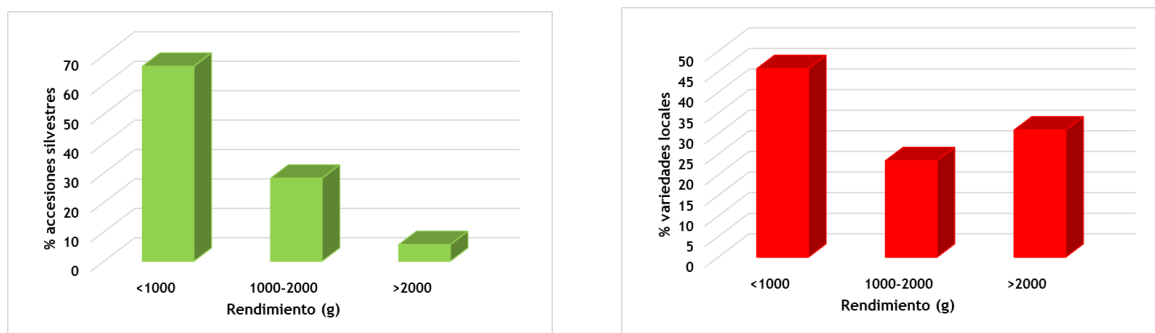


Figura 4.4. Porcentaje de poblaciones silvestres (barras verdes) y de variedades locales (barras rojas) correspondientes a las distintas clases establecidas para rendimiento de semillas.

En cuanto a la variable peso de 100 semillas se observó que el 100% de las poblaciones silvestres presentaron semillas pequeñas ya que todas tuvieron un peso de 100 semillas inferior a los 25 g (Tabla IV del anexo). En las variedades locales el 3% de las accesiones presentaron semillas pequeñas, (peso de 100 semillas inferior a los 25 g), el 35% semillas medianas (peso de 100 semillas entre 25 y 40 g) y el 62% restante semillas grandes y extragrandes (peso de 100 semillas superior a los 40 g) (Figura 4.5).

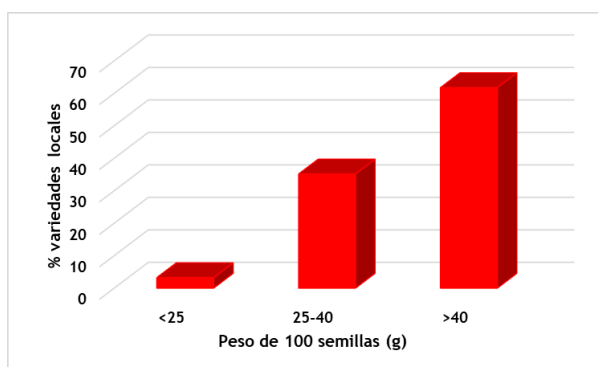


Figura 4.5. Porcentaje de las variedades locales evaluadas correspondientes a las distintas clases establecidas para tamaño de semillas en función del peso de 100 semillas: Semillas pequeñas (<25g /100 semillas); semillas medianas (25-40g/100 semillas) y semillas grandes y extragrandes (>40g/100 semillas).

Considerando la relación entre la longitud y el ancho de las bractéolas de la flor, el 100% de las poblaciones silvestres tuvieron bractéolas lanceoladas ($\text{longitud}/\text{anchura} > 1$). Esto se observó también en la mayoría de las variedades locales, con excepción de la accesión BNOA594 que presentó bractéolas orbiculares. La mayoría de las accesiones, tanto silvestres como variedades locales, presentaron entre 8 y 11 nervaduras (Tabla V del anexo).

4.1.2 Análisis multivariado

A partir del análisis de componentes principales realizado se observó que las tres primeras componentes contribuyeron a explicar el 76% de la variabilidad observada (Tabla 4.2).

Tabla 4.2. Autovalores calculados para los tres primeros componentes del Análisis de Componentes Principales realizado con los datos agromorfológicos.

i	AUTOVALOR	PORCENTAJE	ACUMULADO
1	10,29	57,15	57,15
2	2,10	11,67	68,82
3	1,29	7,18	76,00

Las variables que más contribuyeron en el primer componente principal (CP1) fueron los caracteres de semilla, longitud, ancho y grosor, el peso de 100 semillas y los caracteres de vaina (longitud, ancho y grosor). En el segundo componente principal (CP2), los caracteres que más contribuyeron fueron el inicio de floración, días a madurez, promedio de vainas totales y el rendimiento (Tabla 4.3).

Tabla 4.3. Autovectores resultantes del Análisis de componentes principales a partir de los caracteres agromorfológicos evaluados: Días a inicio de floración (IFL), días a madurez (MAD), longitud del foliolo central (LFOL), longitud basal del foliolo central (LBFOL), ancho del foliolo central (AFOL), longitud de la vaina (LV), ancho de la vaina (AV), grosor de la vaina (GV), número de semillas por vaina (S/V), promedio de vainas totales (VTOT), rendimiento (REND), longitud de la semilla (LS), ancho de la semilla (AS), grosor de la semilla (GS), peso de 100 semillas (P100S), número de nervaduras de la bractéola (NBR), longitud de la bractéola (LBR) y ancho de la bractéola (ABR). Se resaltan en gris los valores máximo-absolutos para cada componente.

Carácter	C1	C2	C3
IFL	0,0168	0,8222	0,1916
MAD	0,0303	0,5908	0,4461
LFOL	0,8788	-0,0911	0,1883
LBFOL	0,8466	-0,1489	0,2649
AFOL	0,9073	-0,057	0,1624
LV	0,9201	0,0351	0,0114
AV	0,9377	0,1103	-0,0049
GV	0,9407	-0,0695	-0,0018
S/V	-0,6206	-0,1004	0,0075
VTOT	-0,3075	-0,7464	0,2676
REND	0,5069	-0,6377	0,3286
LS	0,9616	0,0576	0,0395
AS	0,9674	0,057	0,0437
GS	0,966	0,0782	0,0465
P100S	0,9441	0,0133	0,0338
NBR	0,3434	-0,181	-0,4403
LBR	0,6822	0,0608	-0,3974
ABR	0,5991	0,0153	-0,6215

La correlación cofenética calculada fue igual a 0,96. Gráficamente se observó la separación de dos grandes grupos, G1 y G2, a partir del CP1, correspondientes a las poblaciones silvestres y a las variedades locales respectivamente (Figura 4.6). El grupo silvestre se caracterizó por presentar vainas y semillas más cortas, menos anchas y gruesas y semillas más pequeñas, en función del peso de 100 semillas. A partir del CP2, se observó que en ambos grupos las accesiones evaluadas presentaron variabilidad en cuanto a la duración del ciclo (inicio de

floración y madurez), como también en el promedio de vainas totales y en el rendimiento. Se pudo apreciar también que la mayor dispersión en las variables analizadas correspondió al grupo de las variedades locales. Entre ambos grupos se observaron variedades locales que presentaron características intermedias, como BNOA037 y BNOA403 y un poco más alejadas BNOA093 y BNOA198 (Figura 4.6).

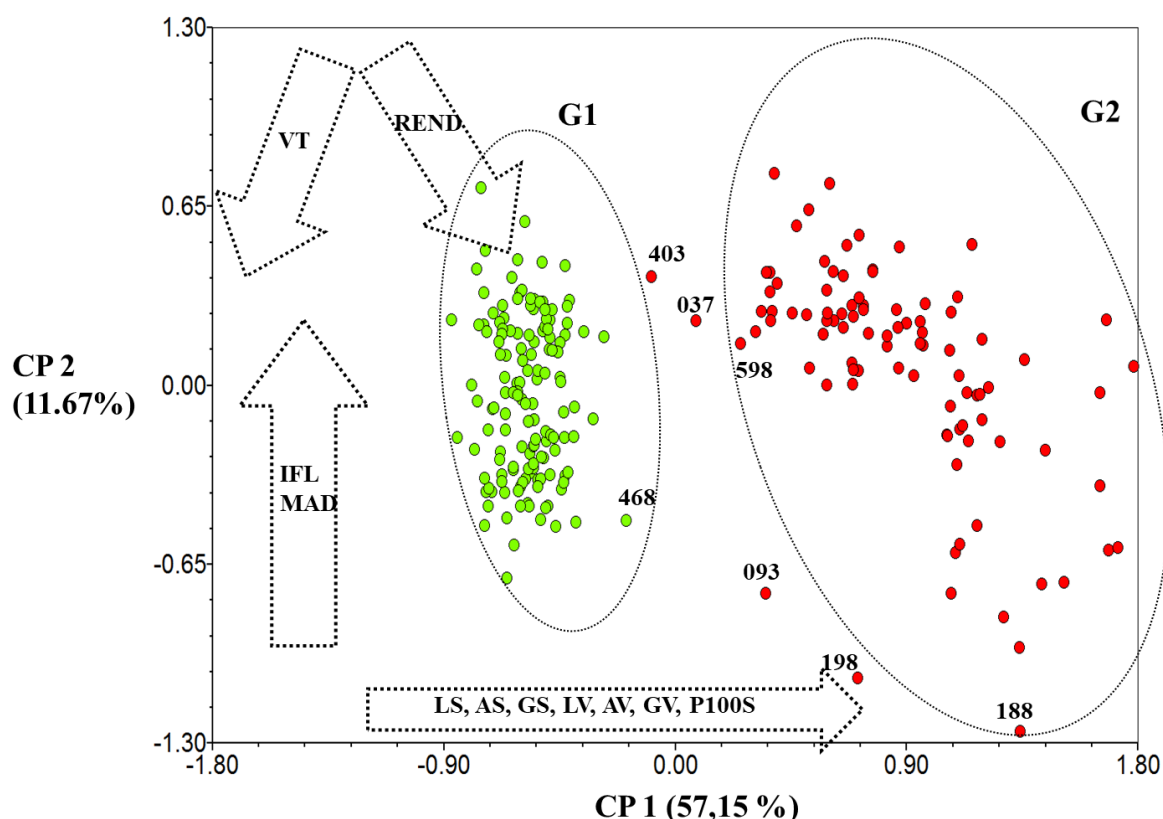


Figura 4.6. Ordenamiento de las poblaciones en función de los componentes principales uno (CP1) y dos (CP2), obtenido a partir de los datos agromorfológicos. Los grupos formados se designan con la letra G. Se indican el porcentaje de contribución de cada eje y el número de BNOA de las accesiones que fueron clasificadas como intermedias entre ambos grupos (silvestre y variedades locales). Con flechas se indican las variables que más contribuyeron a cada componente y el sentido de la contribución. Caracteres en el CP1: LS (longitud de la semilla), AS (ancho de la semilla), GS (grosor de la semilla), LV (longitud de la vaina), AV (ancho de la vaina), GV (grosor de la vaina), y P100S (peso de 100 semillas). Caracteres en el CP2: IFL (días a inicio de floración), MAD (días a madurez), VT (promedio de vainas totales) y REND (rendimiento).

Por otro lado, en el gráfico de ACP, en el que se representaron las accesiones de acuerdo a la ecorregión a la que pertenece el sitio de recolección de cada una de ellas (Figura 4.7), no se observó un agrupamiento que permitiera asociar la ecorregión de origen con los caracteres agromorfológicos de las poblaciones silvestres ni de las variedades locales.

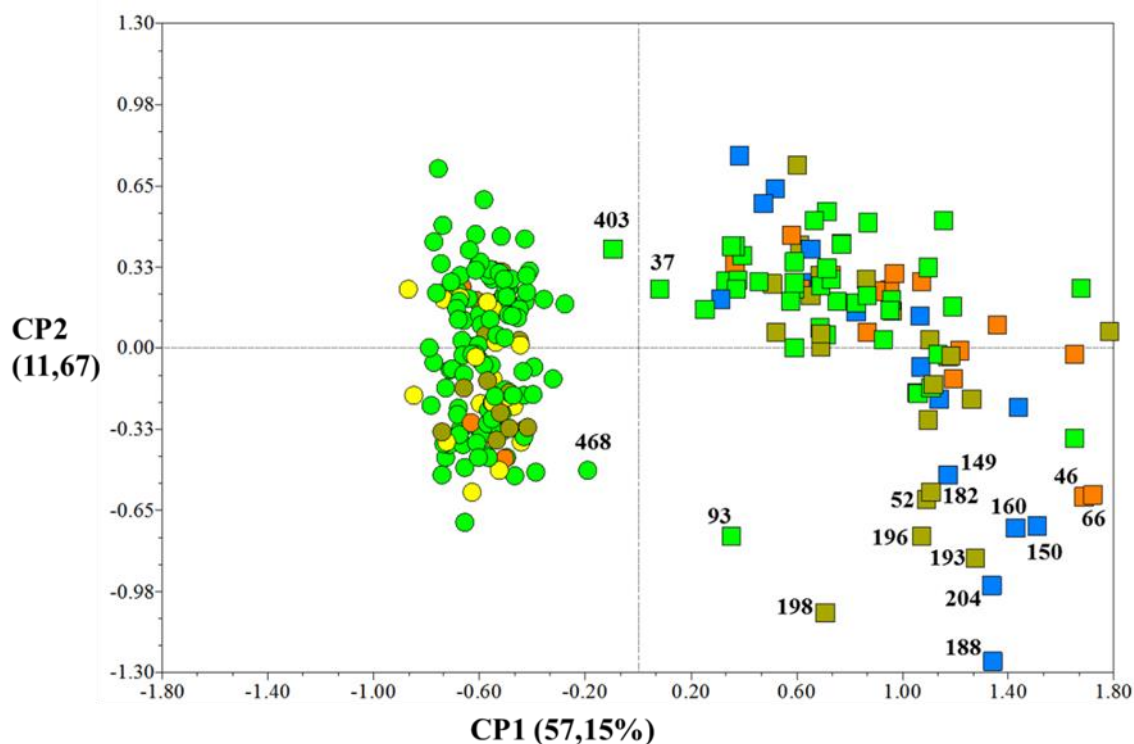


Figura 4.7. Ordenamiento de las accesiones de judías silvestres y variedades locales en función de los componentes principales CP1 y CP2 obtenido a partir de los datos agromorfológicos considerando la ecorregión de procedencia. Se indican el porcentaje de contribución de cada eje y el número de BNOA de las accesiones. Los círculos corresponden a las poblaciones silvestres y los cuadrados a las variedades locales, el color naranja a la ecorregión Monte de Sierras y Bolsones, verde a Yungas, marrón a la ecorregión Puna, amarillo a Chaco Seco y azul a la ecorregión Altos Andes.

Sin embargo, en el cuadrante inferior derecho se observaron variedades locales correspondientes a las ecorregiones Altos Andes y Puna (BNOA188, BNOA204, BNOA160, BNOA150, BNOA193 y BNOA196) que se caracterizaron por presentar los valores más altos de longitud, ancho y grosor de semilla y vaina, como también mayor peso de 100 semillas (Figura 4.7). También presentaron mayor promedio de vainas totales y mayor rendimiento, iniciando la floración y alcanzando la madurez en menor cantidad de días que el resto.

La mayoría de las variedades locales de la ecorregión Yungas presentaron semillas y vainas grandes, pero tuvieron un inicio de floración y madurez más tardío, como también menor promedio de vainas totales y menor rendimiento.

Posteriormente se realizó un análisis de agrupamiento utilizando el coeficiente de distancia euclídea (Figura 4.8). El ajuste de los datos a su representación gráfica, obtenido a partir de la prueba de Mantel fue alto ($r = 0,85$). A un valor de distancia euclídea de 7,25 se observaron dos grandes grupos; el primero incluyó a todas las poblaciones silvestres y a dos variedades locales (BNOA037 y BNOA403) y el segundo gran grupo incluyó a la mayoría (96%) de las variedades locales.

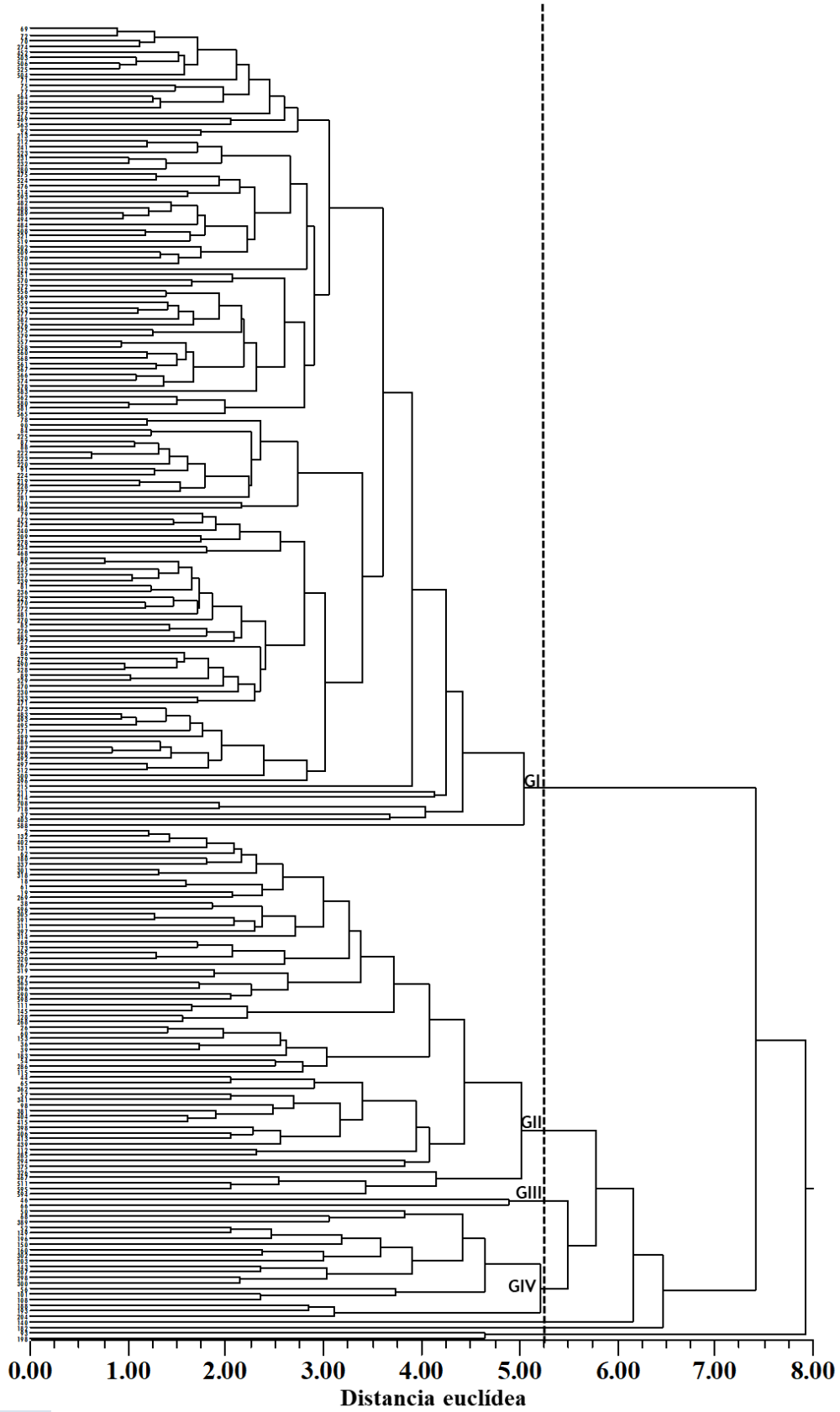


Figura 4.8. Dendrograma de agrupamiento de las 236 accesiones de *P. vulgaris* evaluadas basado en los caracteres agromorfológicos, utilizando el método UPGMA. Los números romanos indican los cuatro grupos formados a una distancia euclídea igual a 5,25.

Cuando se consideró una distancia euclídea igual a 5,25, se identificó el primer gran grupo anteriormente descrito que incluyó a todas las accesiones silvestres y a las variedades locales BNOA037 y BNOA403 (Grupo GI Figura 4.8 y Tabla VII del anexo). El resto de las variedades locales se conglomeraron en los grupos GII, GIII y GIV (Tabla VII del anexo), sugiriéndose la existencia de mayor variabilidad en este tipo de germoplasma. El grupo III incluyó únicamente a las accesiones BNOA046 y BNOA066, ambas pertenecientes a la ecorregión Monte de Sierras y Bolsones, coincidiendo con lo observado en el análisis de componente principales. Si bien estas accesiones se caracterizaron por presentar vainas y semillas grandes no se consideró este grupo debido al bajo número de accesiones que lo integraron. El grupo II reunió variedades locales que se caracterizaron por presentar folíolos, vainas y semillas más pequeños, menor peso de cien semillas, menor promedio de vainas totales y menor rendimiento que el grupo IV. Fuera de este agrupamiento se encontraron las variedades locales BNOA93 y BNOA198, coincidiendo con lo observado en el análisis de ordenamiento. Estas accesiones tuvieron ciclo corto, semillas y folíolos pequeños en comparación con el resto de las variedades locales y presentaron mayores rendimientos que las accesiones silvestres.

No se observó una asociación clara entre los grupos y los sitios de procedencia de las accesiones ni con la ecorregión correspondiente, pero si se encontró una baja correlación altamente significativa ($r = 0,57$, $p < 0,0001$) entre los grupos y la altura sobre el nivel del mar del sitio de colecta, siendo las accesiones del grupo IV las de mayor altura.

4.2 CARACTERIZACIÓN GENOTÍPICA

4.2.1 Diversidad genética.

Se obtuvieron un total de 36 alelos con un 97% de polimorfismo en los 115 individuos analizados. El porcentaje de loci polimórficos fue del 70% en los genotipos silvestres y 90% en los genotipos correspondientes a las variedades locales.

El número y el rango en pares de bases de los alelos detectados para cada par de cebadores SSR se presentan en la tabla 4.4.

Tabla 4.4. Marcadores microsatélites amplificados, grupo de ligamiento (GL), rango de tamaño esperado (pb), tamaño observado (pb) y n° de alelos observados.

Locus SSR	GL	Alelos		
		Rango de tamaño esperado (pb)	Tamaño observado (pb)	N° observado
BM53	1	287	244;267; 275;287; 310; 318	6
GATS91	2	229	203; 215; 218;222; 227	5
BM172	3	107	84;87;89; 96;114; 140	6
Pvctt001	4	152	138; 140	2
BMd20	5	123	120; 125	2
PvM66	6	182-200	190	1
BM210	7	166	152;156; 168;176; 179	5
BM151	8	153	145;148; 158	3
BMd42	10	149	151;155; 160;162	4
Pvag001	11	157	191; 206	2

El número de alelos para los 10 loci evaluados varió entre uno y seis. Todos los loci resultaron polimórficos a excepción de PvM66. En la Tabla VI del anexo se muestran los fragmentos amplificados o alelos obtenidos para los 115 individuos con los 9 loci SSR polimórficos.

Se observaron en total 106 combinaciones alélicas diferentes o genotipos multilocus, 64 para los individuos silvestres y 42 para las variedades locales (Tabla VI del anexo) permitiendo diferenciar de esta manera el 92% de los individuos evaluados. El 8% restante correspondió a grupos de 2 ó 3 individuos con idénticas combinaciones alélicas. Estos grupos fueron BNOA080-BNOA088, BNOA087-BNOA508, BNOA211-BNOA212, BNOA214-BNOA215, en los individuos correspondientes a accesiones silvestres; y BNOA039-BNOA101, BNOA115-BNOA132, BNOA153-BNOA269 y BNOA173-BNOA203-BNOA268 en las variedades locales. Cuando se analizaron los orígenes de las accesiones que presentaron genotipos idénticos se observó que cuatro individuos procedieron del mismo departamento, provincia y ecorregión (BNOA214-BNOA215, BNOA115-BNOA132), dos de distintos departamentos pero de la misma provincia y ecorregión (BNOA080-BNOA088), cuatro de distintos departamentos pero de la misma provincia y distinta ecorregión (BNOA087-BNOA508, BNOA039-BNOA101) y siete de distinta provincia y distinta ecorregión (BNOA211-BNOA212, BNOA153-BNOA269 y BNOA173-BNOA203-BNOA268).

Considerando los alelos principales en los nueve loci polimórficos, la frecuencia promedio observada fue 0,59, variando entre 0,34 para GATS91 y 0,99 para Pvctt001 y BMd20 (Tabla 4.5). El número promedio de alelos fue de 3,89 y la diversidad genética promedio fue igual a 0,48, variando entre 0,01 para los loci Pvctt001 y BMd20 y 0,75 para GATS91. El índice de contenido polimórfico promedio fue 0,42, siendo el locus GATS91 el más informativo, seguido por BM172 y BM53. Solamente se observó un individuo heterocigoto (BNOA570) en el locus BM172.

Tabla 4.5. Frecuencia de alelos principales, n° de alelos, Diversidad genética, Heterocigosidad e Índice de contenido polimórfico obtenido para los nueve loci polimórficos evaluados.

Locus	Frecuencia de alelos principales	Na	Diversidad genética	Heterocigosidad	PIC
BM53	0,434	6	0,7222	0,00	0,6837
GATS91	0,339	5	0,7547	0,00	0,7140
BM172	0,369	6	0,7328	0,01	0,6889
Pvctt001	0,991	2	0,0172	0,00	0,0170
BMd20	0,991	2	0,0172	0,00	0,0170
BM210	0,486	5	0,6369	0,00	0,5717
BM151	0,495	3	0,5085	0,00	0,3877
BMd42	0,695	4	0,4426	0,00	0,3714
Pvag001	0,513	2	0,4996	0,00	0,3748
Promedio	0,590	3,89	0,4813	0,001	0,4251

Posteriormente, se compararon los parámetros genéticos obtenidos en cada locus SSR a partir del análisis de los individuos silvestres y de las variedades locales (Tabla 4.6).

Tabla 4.6. Parámetros de diversidad genética de los 115 individuos de judías silvestres y de variedades locales en los nueve loci microsatélites polimórficos. Tamaño de muestra (N), número de alelos (Na), número de alelos efectivos (Ne), índice de información de Shannon (I), Heterocigosis observada (Ho), Heterocigosis esperada (He) e índice de Fijación de Wright (F). Desvío estándar (D.E.) y promedio para los genotipos silvestres, variedades locales y general.

Locus	N	Na	Ne	I	Ho	He	F
<i>Silvestres</i>							
BM53	68	6,000	3,723	1,481	0,000	0.731	1.000
GATS91	68	5,000	3,905	1,443	0,000	0,744	1,000
BM172	68	6,000	3,109	1,320	0,015	0,678	0,978
Pvctt001	68	1,000	1,000	0,000	0,000	0,000	-
BMd20	68	1,000	1,000	0,000	0,000	0,000	-
BM210	68	4,000	1,758	0,722	0,000	0,431	1,000
BM151	68	3,000	1,808	0,689	0,000	0,447	1,000
BMd42	68	3,000	1,380	0,492	0,000	0,276	1,000
Pvag001	68	2,000	1,710	0,606	0,000	0,415	1,000
Promedio	68,000	3,444	2,155	0,750	0,002	0,414	0,997
D.E.	0,000	0,648	0,376	0,188	0,002	0,094	0,003
<i>Variedades locales</i>							
BM53	47	5,000	3,142	1,308	0,000	0,682	1,000
GATS91	47	5,000	3,352	1,319	0,000	0,702	1,000
BM172	47	5,000	2,126	1,078	0,000	0,530	1,000
Pvctt001	47	2,000	1,043	0,103	0,000	0,042	1,000
BMd20	47	2,000	1,043	0,103	0,000	0,042	1,000
BM210	47	5,000	1,706	0,819	0,000	0,414	1,000
BM151	47	2,000	1,559	0,544	0,000	0,359	1,000
BMd42	47	4,000	2,266	0,926	0,000	0,559	1,000
Pvag001	47	2,000	1,394	0,456	0,000	0,282	1,000
Promedio	47,000	3,556	1,959	0,740	0,000	0,401	1,000
D.E.	0,000	0,503	0,281	0,156	0,000	0,082	0,000
Promedio total	57,500	3,500	2,057	0,745	0,001	0,407	0,999
D.E.	2,547	0,398	0,229	0,119	0,001	0,061	0,001

En los individuos silvestres se obtuvo un valor promedio de 3,40 alelos por locus, variando el número de alelos entre uno (*loci* Pvctt001 y BMd20) y seis (BM53 y BM172). El número de alelos efectivos varió entre uno y 3,90, correspondiendo este último valor al locus GATS91. El índice de información de Shannon promedio fue 0,75, siendo los *loci* BM53 y GATS91 los más informativos. La heterocigosis observada fue menor a la esperada en todos los *loci* evaluados, observándose heterocigotos sólo en el locus BM172. En consecuencia, el índice de fijación fue cercano o igual a 1 en todos los *loci* que presentaron más de un alelo, con un valor promedio de 0,99.

En los individuos correspondientes a variedades locales, el número de alelos promedio fue 3,6 variando entre dos (*loci* Pvctt001, BMd20, BM151 y Pvag001) y cinco (BM53, GATS91, BM172 y BM210). El número de alelos efectivos tuvo valores similares a los observados en los individuos silvestres, tanto para el promedio, como para el rango de variación, al igual que el

índice de información de Shannon, siendo también GATS91 y BM53 los *loci* más informativos. No se observaron heterocigotos para ningún *loci* y el índice de fijación fue igual a uno para todos los microsatélites utilizados.

Los *loci* Pvctt001 y BMd20 resultaron monomórficos para los individuos silvestres (Tabla 4.6).

Además, se identificaron alelos raros o privados en siete *loci* SSR, con alelos exclusivos en BM53, BM172 y BM151 para los individuos silvestres y en Pvctt001, BMd20, BM210 y BMd42 para las variedades locales (Tabla 4.7).

Tabla 4.7. Frecuencia de alelos observada para los individuos de judías silvestres y de variedades locales. Con un asterisco, en negrita, cursiva y subrayado se indican los alelos raros o privados.

Locus	Alelo (pb)	Frecuencia en silvestres	Frecuencia en variedades locales
BM53	<u>244*</u>	0,015	0,000
	267	0,118	0,021
	275	0,235	0,106
	287	0,412	0,468
	310	0,162	0,255
	318	0,059	0,149
GATS91	203	0,044	0,064
	215	0,265	0,021
	218	0,279	0,213
	222	0,309	0,383
	227	0,103	0,319
BM172	84	0,287	0,043
	87	0,456	0,064
	89	0,029	0,085
	96	0,169	0,660
	114	0,015	0,149
	<u>140*</u>	0,044	0,000
Pvctt001	138	1,000	0,979
	<u>140*</u>	0,000	0,021
BMd20	120	1,000	0,979
	<u>125*</u>	0,000	0,021
BM210	152	0,015	0,021
	156	0,265	0,021
	168	0,706	0,170
	176	0,015	0,745
	<u>179*</u>	0,000	0,043
BM151	145	0,676	0,234
	148	0,309	0,766
	<u>158*</u>	0,015	0,000
BMd42	<u>151*</u>	0,000	0,021
	155	0,838	0,489
	160	0,147	0,447
	162	0,015	0,043
Pvag001	191	0,706	0,170
	206	0,294	0,830

Los resultados indicarían que para los 115 individuos evaluados el locus GATS91 sería el más informativo y el más eficaz para analizar su diversidad genética, como también de los dos grupos estudiados (silvestres y variedades locales), junto con los loci BM172 y BM53.

4.2.2 Estructura genética

El análisis realizado con el programa STRUCTURE permitió inferir la existencia de estructura genética en el conjunto de los 115 individuos evaluados con los nueve marcadores microsatélites polimórficos. A partir del análisis de ΔK se observó que el número óptimo de K grupos con individuos genéticamente similares fue $K = 2$, indicando que la diversidad genética estaría estructurada en dos grandes grupos, correspondiendo a las judías silvestres y las variedades locales (Figura 4.9). No se detectó ninguna otra señal de estructura genética para valores de K superiores a 2, por lo que con los datos moleculares obtenidos a partir de los nueve loci microsatélites utilizados no fue posible discriminar otros subgrupos genéticamente homogéneos.

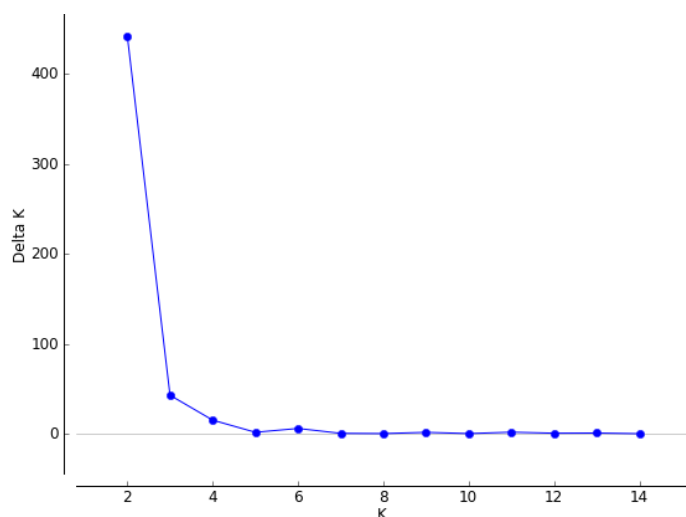


Figura 4.9. Representación gráfica de la estimación del número óptimo de grupos o valor de K , en base al análisis realizado con el programa STRUCTURE. Se representa el valor ΔK (Evanno *et al.*, 2005) en función de los valores de K evaluados.

Para determinar las probabilidades de asignación de cada uno de los 115 individuos a los dos grupos identificados por el programa STRUCTURE, se seleccionó entre las 20 simulaciones independientes realizadas para $K=2$ la que presentó el valor más alto (menos negativo) del logaritmo natural de la probabilidad posterior de los datos [$\ln P(D) = -1533,5$].

La Tabla 4.8 presenta las probabilidades posteriores de asignación para los 115 individuos cuando $K=2$. Se asignó cada individuo a uno de los dos grupos si su probabilidad posterior de asignación era igual o superior a 0,80 ($Q \geq 0,80$). La mayoría de los individuos (93%) se distribuyeron entre los dos grupos, aunque para algunos resultó más compleja su asignación a uno u otro grupo. Esto pudo deberse a la ocurrencia de un cierto nivel de mezcla (admixed) en su composición genética (Figura 4.10). El grado de mezcla (α) inferido fue igual a 0,1031 implicando que la mayoría de los individuos pertenecen esencialmente a uno o a otro grupo. El grupo 1 estuvo conformado por 41 individuos mientras que en el grupo 2 se incluyeron 64 individuos, relacionándose el primer grupo con las variedades locales y el segundo con las poblaciones silvestres.

Tabla 4.8. Asignación de los 115 individuos estudiados a los grupos Variedades locales (VL= Grupo 1), Silvestre (S= Grupo 2) e Híbridos (H) utilizando el programa STRUCTURE. (Asig.STR: Asignación según STRUCTURE).

ID Individuo	Probabilidades de asignación K=2		Asig. STR.	ID Individuo	Probabilidades de asignación K=2		Asig. STR.
	Grupo 1	Grupo 2			Grupo 1	Grupo 2	
<i>Silvestres</i>							
BNOA077	0,047	0,953	S	BNOA489	0,012	0,988	S
BNOA080	0,012	0,988	S	BNOA494	0,014	0,986	S
BNOA082	0,024	0,976	S	BNOA503	0,020	0,980	S
BNOA086	0,027	0,973	S	BNOA504	0,026	0,974	S
BNOA087	0,009	0,991	S	BNOA508	0,009	0,991	S
BNOA088	0,012	0,988	S	BNOA509	0,017	0,983	S
BNOA089	0,026	0,974	S	BNOA510	0,011	0,989	S
BNOA211	0,038	0,962	S	BNOA512	0,025	0,975	S
BNOA212	0,038	0,962	S	BNOA514	0,009	0,991	S
BNOA214	0,116	0,884	S	BNOA519	0,022	0,978	S
BNOA215	0,116	0,884	S	BNOA524	0,177	0,823	S
BNOA219	0,009	0,991	S	BNOA525	0,024	0,976	S
BNOA225	0,023	0,977	S	BNOA529	0,196	0,804	S
BNOA227	0,174	0,826	S	BNOA557	0,027	0,973	S
BNOA228	0,060	0,940	S	BNOA558	0,074	0,926	S
BNOA230	0,238	0,762	H	BNOA561	0,165	0,835	S
BNOA232	0,018	0,982	S	BNOA563	0,365	0,635	H
BNOA234	0,026	0,974	S	BNOA564	0,268	0,732	H
BNOA235	0,026	0,974	S	BNOA566	0,095	0,905	S
BNOA237	0,060	0,940	S	BNOA569	0,085	0,915	S
BNOA279	0,009	0,991	S	BNOA570	0,049	0,951	S
BNOA280	0,020	0,980	S	BNOA572	0,937	0,063	VL
BNOA282	0,011	0,989	S	BNOA574	0,923	0,077	VL
BNOA452	0,049	0,951	S	BNOA575	0,550	0,450	H
BNOA468	0,019	0,981	S	BNOA577	0,048	0,952	S
BNOA470	0,012	0,988	S	BNOA578	0,139	0,861	S
BNOA471	0,016	0,984	S	BNOA580	0,257	0,743	H
BNOA473	0,034	0,966	S	BNOA582	0,172	0,828	S
BNOA475	0,014	0,986	S	BNOA583	0,845	0,155	VL
BNOA476	0,016	0,984	S	BNOA584	0,046	0,954	S
BNOA481	0,037	0,963	S	BNOA588	0,023	0,977	S



BNOA483	0,035	0,965	S	BNOA592	0,017	0,983	S
BNOA485	0,015	0,985	S	BNOA593	0,017	0,983	S
BNOA487	0,197	0,803	S	BNOA708	0,095	0,905	S
<i>Variedades locales</i>							
BNOA002	0,949	0,051	VL	BNOA183	0,988	0,012	VL
BNOA037	0,041	0,959	S	BNOA196	0,825	0,175	VL
BNOA039	0,983	0,017	VL	BNOA198	0,039	0,961	S
BNOA057	0,954	0,046	VL	BNOA203	0,983	0,017	VL
BNOA060	0,907	0,093	VL	BNOA267	0,987	0,013	VL
BNOA061	0,990	0,010	VL	BNOA268	0,983	0,017	VL
BNOA062	0,956	0,044	VL	BNOA269	0,990	0,010	VL
BNOA066	0,869	0,131	VL	BNOA285	0,336	0,664	H
BNOA101	0,983	0,017	VL	BNOA286	0,988	0,012	VL
BNOA108	0,771	0,229	H	BNOA295	0,982	0,018	VL
BNOA111	0,948	0,052	VL	BNOA300	0,945	0,055	VL
BNOA112	0,847	0,153	VL	BNOA302	0,785	0,215	H
BNOA115	0,989	0,011	VL	BNOA318	0,886	0,114	VL
BNOA128	0,989	0,011	VL	BNOA320	0,989	0,011	VL
BNOA131	0,829	0,171	VL	BNOA337	0,028	0,972	S
BNOA132	0,989	0,011	VL	BNOA403	0,336	0,664	H
BNOA140	0,986	0,014	VL	BNOA467	0,923	0,077	VL
BNOA143	0,884	0,116	VL	BNOA511	0,168	0,832	S
BNOA145	0,960	0,040	VL	BNOA590	0,817	0,183	VL
BNOA149	0,976	0,024	VL	BNOA591	0,988	0,012	VL
BNOA153	0,989	0,011	VL	BNOA594	0,416	0,584	H
BNOA168	0,985	0,015	VL	BNOA597	0,938	0,062	VL
BNOA173	0,983	0,017	VL	BNOA598	0,985	0,015	VL
BNOA180	0,990	0,010					

Los 10 individuos restantes tuvieron probabilidades de asignación inferiores al 80% ($Q < 0,80$) para ambos grupos y, en algunos casos, cercanas al 50%. Por esta razón, se consideraron híbridos putativos (H) de ambos grupos, con mayor o menor proximidad a uno de ellos según la probabilidad de asignación.

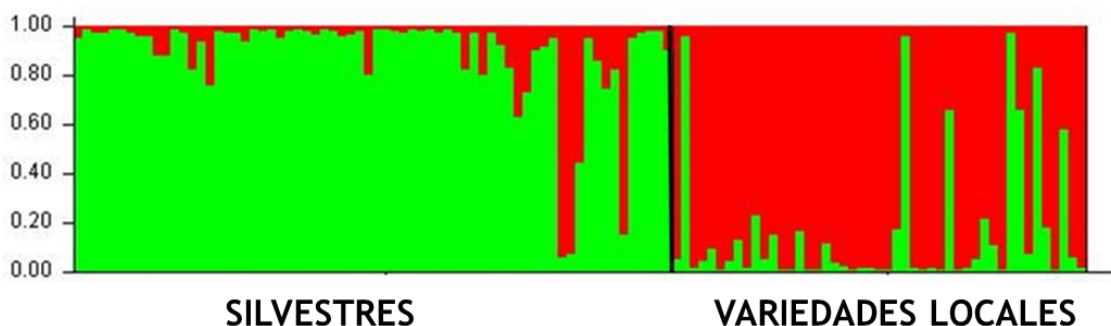


Figura 4.10. Representación gráfica del agrupamiento bayesiano de los 115 individuos correspondientes a judías silvestres y variedades locales analizados con el programa STRUCTURE para K=2. En el eje “x” se indican los individuos y en el eje “y” la probabilidad de asignación al Grupo 1 o variedades locales (rojo) y al Grupo 2 o silvestre (verde).

El 79% de los individuos asignados al grupo 1 (variedades locales) tuvieron una probabilidad de asignación a ese grupo mayor al 90% (Tabla 4.8). De manera similar, el 84% de los individuos asignados al grupo 2 (silvestres) mostraron una probabilidad de asignación, al mencionado grupo, mayor al 90%.

Es importante mencionar que hubo individuos clasificados inicialmente sobre la base de sus características morfológicas como silvestres o correspondientes a variedades locales, y que de acuerdo con los valores de probabilidad obtenidos fueron asignados a otro grupo. Esto se observó para tres individuos (BNOA572, BNOA574 y BNOA583) clasificados morfológicamente como silvestres pero asignados al Grupo 1 (variedades locales) en el análisis de estructura genética. De igual modo, cuatro individuos (BNOA037, BNOA198, BNOA337 y BNOA511) caracterizados morfológicamente como correspondientes a variedades locales, de acuerdo con los resultados obtenidos por el programa Structure, fueron asignados al Grupo 2 (silvestre) (Tabla 4.8).

Por otra parte, también se realizó un análisis de la varianza molecular (AMOVA) con el objeto de estimar los componentes de dicha variación entre los grupos silvestre y variedades locales y entre individuos dentro de ambos grupos. Los resultados del AMOVA se muestran en la Tabla 4.9, donde se puede observar una subdivisión significativa a nivel de grupos (poblaciones silvestres y variedades locales) y gran variabilidad dentro de cada grupo (74%).

Tabla 4.9. Análisis de la varianza molecular (AMOVA) para los 115 individuos de judías silvestres y variedades locales en base a la información de los nueve loci SSR polimórficos. Se indican los grados de libertad (gl), las sumas de cuadrados (SC), los componentes de la varianza (CV), el porcentaje del total de la varianza debido a cada componente, el nivel de significación (P) obtenido mediante 10000 permutaciones y el valor del estadístico ϕ .

Fuente de variación	gl	SC	CV	% de la varianza total	P	Estadístico ϕ
Entre grupos (Poblaciones silvestres vs. Variedades locales)	1	75,322	1,28774	26%	0,000	$\phi_{st} = 0,256$
Dentro de grupos	113	423,321	3,74621	74%		
Total	114	498,643	5,03395	100%		

Posteriormente se analizó la partición de la variación observada considerando tres niveles jerárquicos: comparando los grupos poblaciones silvestres vs variedades locales, las ecorregiones (Monte de Sierras y Bolsones, Selva de las Yungas, Chaco Seco, Puna y Altos

Andes) a las que corresponden los 115 individuos dentro de los grupos; y dentro de las ecorregiones. En este caso se observó una subdivisión significativa entre los grupos ($\phi_{ct} = 0,2522$; $p = 0,026$) y dentro de las ecorregiones ($\phi_{st} = 0,2606$; $p < 0,00001$). No hubo diferenciación significativa entre ecorregiones dentro de los grupos ($p = 0,189$) y la mayor variación se observó a nivel de individuos dentro de las ecorregiones (74%) (Tabla 4.10).

Tabla 4.10. Análisis de la varianza molecular (AMOVA) para los 115 individuos evaluados con los nueve loci SSR analizados, distribuidas en los dos grupos (poblaciones silvestres y variedades locales), considerando las 5 ecorregiones de origen. Se indican los grados de libertad (gl), las sumas de cuadrados (SC), los componentes de la varianza (CV), el porcentaje del total de la varianza debido a cada componente, el nivel de significación (P) obtenido mediante 10000 permutaciones y el valor del estadístico ϕ .

Fuente de variación	gl	SC	CV	% de la varianza total	P	Estadístico ϕ
Entre grupos (Poblaciones silvestres vs. Variedades locales)	1	75,322	1,26990	25%	0,026	$\phi_{ct} = 0,2522$
Entre ecorregiones dentro de grupos	5	21,235	0,04237	1%	0,189	$\phi_{sc} = 0,0112$
Dentro de ecorregiones	108	402,087	3,72303	74%	0,0000	$\phi_{st} = 0,2606$
Total	114	498,643	5,03529	100%		

4.2.3 Relaciones genéticas

Para analizar las relaciones genéticas existentes entre los 115 individuos evaluados, a partir de la información alélica obtenida en los 9 loci polimórficos SSR se generó un dendrograma mediante el método UPGMA empleando el coeficiente de distancia de Dice. La correlación entre la matriz cofenética del dendrograma y la matriz de similitud fue de 0,65 indicando un ajuste moderado entre los agrupamientos obtenidos y los datos originales. Se observaron dos grandes clusters o grupos a un valor de similitud de 0,44, agrupándose en uno de ellos el 91% de los individuos correspondientes a las variedades locales y en el otro el 78% de los individuos silvestres (gráfico no mostrado). No se observó asociación entre los agrupamientos obtenidos, el origen y la altitud del sitio de colecta de las accesiones.

El estudio de las relaciones genéticas se completó mediante un Análisis de Coordenadas Principales (ACoP). Las tres primeras coordenadas de dicho análisis permitieron explicar respectivamente el 22,90%, 10,26% y 9,08% del total de la variación molecular detectada (42%). En la Figura 4.11 se muestra el gráfico en dos dimensiones del ACoP. La primera coordenada principal (1raCoP), permitió ordenar hacia la derecha la mayor parte de los individuos silvestres y hacia la izquierda los correspondientes a las variedades locales. Los individuos clasificados fenotípicamente como silvestres y que fueron asignados por el programa STRUCTURE al grupo de variedades locales, se agruparon más cerca de este grupo, mientras que los individuos clasificados fenotípicamente como variedades locales, pero molecularmente similares al grupo silvestre, se agruparon más cerca de los individuos silvestres. Con respecto a los individuos clasificados como híbridos a partir del análisis de estructura genética, el 90% se ubicó en una posición intermedia entre los grupos silvestre y el de las variedades locales.

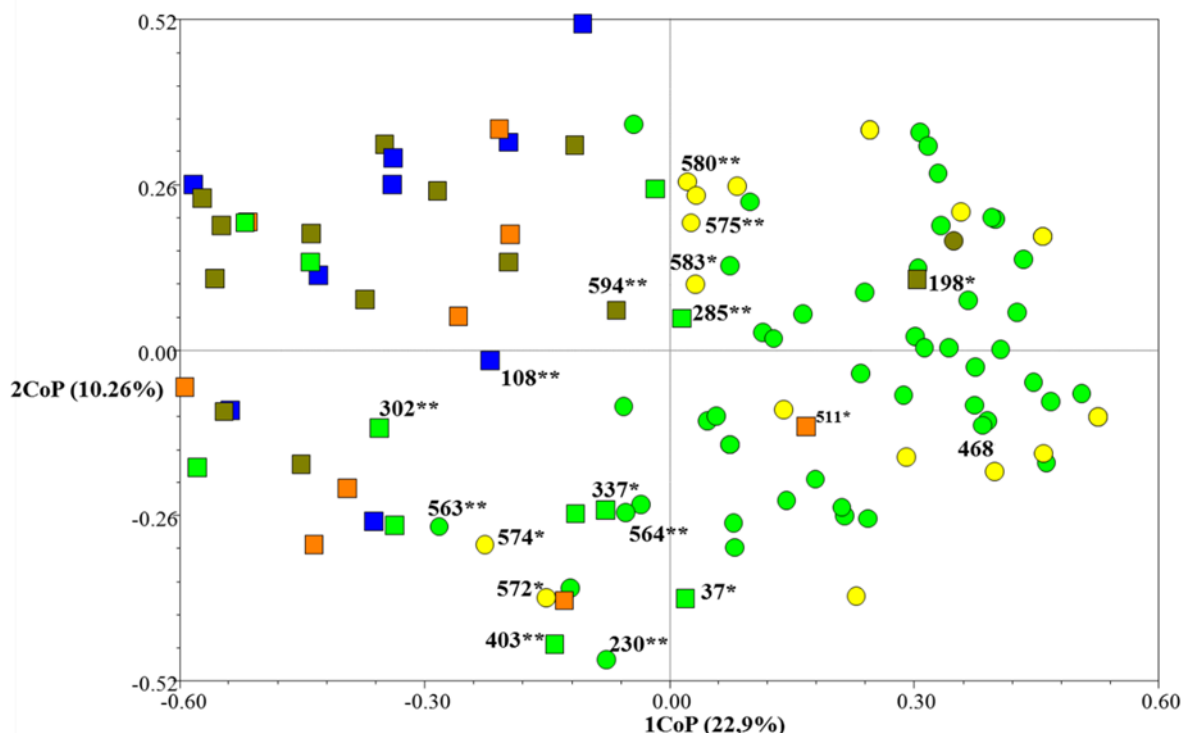


Figura 4.11. Análisis de Coordenadas principales de los 115 individuos de *P. vulgaris* evaluados con los 9 loci SSR. Los círculos indican pertenencia al grupo silvestre y los cuadrados a variedades locales, en función de los caracteres morfológicos. Los colores corresponden a las distintas ecorregiones de origen (azul: Altos Andes, amarillo: Chaco Seco, naranja: Monte de Sierras y Bolsones, marrón: Puna y verde: Selva de las Yungas). Se indica con * los individuos asignados a un grupo diferente al observado fenotípicamente, con ** los individuos clasificados como híbridos, según el análisis con el programa STRUCTURE. Los individuos 403, 037 y 198, también fueron clasificados como intermedios a partir de la caracterización agromorfológica.

Cuando se analizó el agrupamiento considerando las ecorregiones se observó que la mayoría (82%) de los individuos silvestres correspondientes a la Selva de Yungas se agruparon hacia la derecha del gráfico, junto con los individuos silvestres de la ecorregión Chaco Seco. Cerca de este grupo se observaron también a los individuos de las variedades locales BNOA198 de la ecorregión Puna y BNOA511, de la ecorregión Monte de Sierras y Bolsones. Este agrupamiento coincidió con lo observado en el dendrograma, con la aclaración de que BNOA198 fue el individuo que más se diferenció de todos los restantes. El individuo correspondiente a la variedad local BNOA285 se observó más próximo a individuos silvestres de la ecorregión Chaco Seco, a diferencia de lo observado en el dendrograma, donde se visualizó su separación de la mayoría de los genotipos silvestres.

Hacia la izquierda del gráfico se distribuyeron los individuos de variedades locales correspondientes a las ecorregiones Altos Andes, Monte de Sierras y Bolsones y Puna. También se observaron algunos individuos de las Yungas (principalmente de variedades locales) y dos individuos silvestres de Chaco Seco (BNOA574 y BNOA572), coincidiendo con el agrupamiento observado a partir del dendrograma.

Por último, se realizó un análisis de Neighbor Joining obteniéndose como resultado el árbol de la figura 4.12. Se identificaron dos grandes agrupamientos correspondientes a los individuos silvestres y a las variedades locales. También se observaron ramas del árbol en las que se agruparon individuos silvestres junto con variedades locales, coincidiendo en gran medida con lo observado en el dendrograma UPGMA.

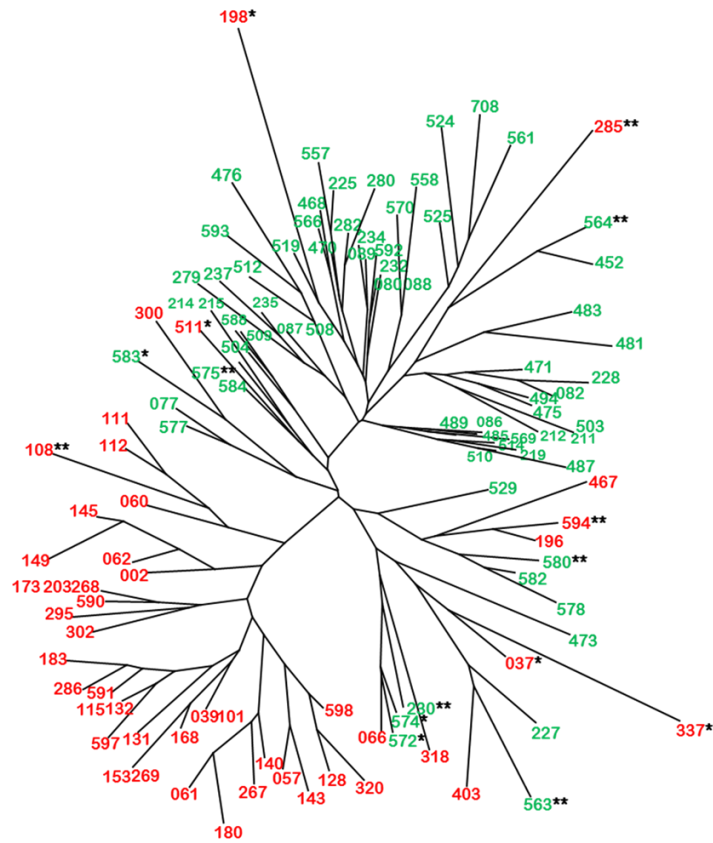


Figura 4.12. Análisis de Neighbor Joining de los 115 individuos evaluados de *P. vulgaris*. Se indica en color verde la pertenencia al grupo silvestre y en rojo, a las variedades locales, con * los individuos asignados a un grupo diferente al observado fenotípicamente y con ** los individuos clasificados como híbridos, según el análisis con el programa STRUCTURE

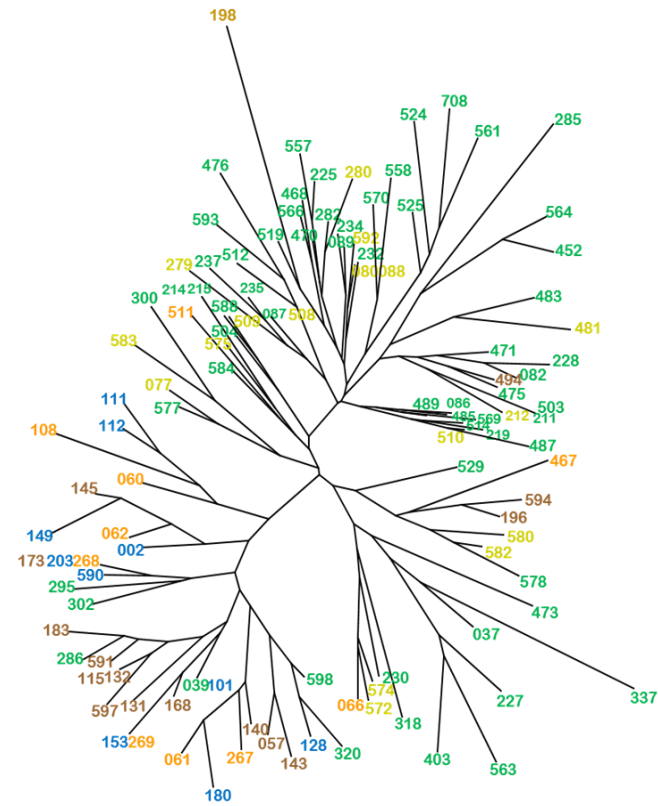


Figura 4.13. Análisis de Neighbor Joining de los 115 individuos evaluados de *P. vulgaris*, considerando su ecorregión de origen. Los colores indican la pertenencia a las distintas ecorregiones (azul: Altos Andes, amarillo: Chaco Seco, naranja: Monte de Sierras y Bolsones, marrón: Puna y verde: Selva de las Yungas).

Próximos a los individuos silvestres se observaron los individuos BNOA198 y BNOA285, en coincidencia con lo observado en el ACoP (Figura 4.11)

También se visualizó a los individuos de las variedades locales BNOA300 y BNOA511 más cercanos a individuos silvestres que al resto de las variedades locales, coincidiendo con lo observado para BNOA511 en el ACoP y con los resultados del programa STRUCTURE, que indicó una mayor afinidad genética para este individuo con el grupo silvestre a pesar de presentar morfológicamente características de pertenencia a las variedades locales (Figura 4.12 y Tabla 4.8).

Por otro lado, destacan algunos individuos como los correspondientes a las variedades locales BNOA198, BNOA285 y BNOA337 por presentar una mayor separación en términos de distancia genética, manifestada por una mayor longitud de las ramas del árbol.

Cuando se efectuó el análisis por ecorregiones (Figura 4.13), si bien se observó un agrupamiento general para los individuos silvestres procedentes de la ecorregión Yungas, no hubo una diferenciación clara por ecorregiones. Se visualizó una mayor similitud entre los individuos silvestres de las ecorregiones Yungas con Chaco Seco y pequeños grupos correspondientes a variedades locales de Altos Andes y Monte de Sierras y Bolsones.

4.3 CARACTERIZACIÓN ECOGEOGRÁFICA

Para describir las características de los sitios de procedencia de las 236 accesiones evaluadas se seleccionaron 16 variables ecogeográficas que permitieron representar los tres aspectos abióticos que podrían afectar al crecimiento y desarrollo de *Phaseolus vulgaris*.

De las 16 variables seleccionadas cinco correspondieron al componente bioclimático, cuatro al componente geofísico y siete al edáfico (Tabla 4.11).

Tabla 4.11. Variables utilizadas para la elaboración del mapa de caracterización ecogeográfica del terreno.

N°	COMPONENTE	VARIABLE	UNIDAD	FUENTE
1	Bioclimático	Precipitación anual	mm	Worldclim
2	Bioclimático	Precipitación del trimestre más frío (3 meses más fríos)	mm	Worldclim
3	Bioclimático	Precipitación del trimestre más seco (3 meses más secos)	mm	Worldclim
4	Bioclimático	Tª media del mes de octubre	°C	Worldclim
5	Bioclimático	Tª media del trimestre más frío (3 meses más fríos)	°C	Worldclim
6	Geofísico	Altitud	m	Worldclim
7	Geofísico	Pendiente de la superficie del terreno	°	SRTM MDE
8	Geofísico	Longitud	°	
9	Geofísico	Latitud	°	
10	Edáfico	Contenido de arcilla en suelo superficial	% peso	HWS Database
11	Edáfico	Contenido de arena en suelo superficial	% peso	HWS Database
12	Edáfico	Contenido de limo en suelo superficial	% peso	HWS Database
13	Edáfico	Capacidad de intercambio catiónico en suelo superficial	cmol/kg	HWS Database
14	Edáfico	pH en suelo superficial	-log(H ⁺)	HWS Database
15	Edáfico	Salinidad en suelo superficial	dS/m	HWS Database
16	Edáfico	Salinidad en subsuelo	dS/m	HWS Database

Con el conjunto de estas 16 variables se obtuvieron 2 categorías bioclimáticas, 3 geofísicas y 4 edáficas, y a partir de su combinación se observaron 22 categorías ecogeográficas para toda la Argentina (Figura 4.14). La categoría “0” o sin datos no forma parte de las categorías

ecogeográficas del mapa obtenido, sino que es la categoría en la que se incluyen las zonas para las cuales solo existe información de uno o dos componentes, pero no de los tres tipos de variables.

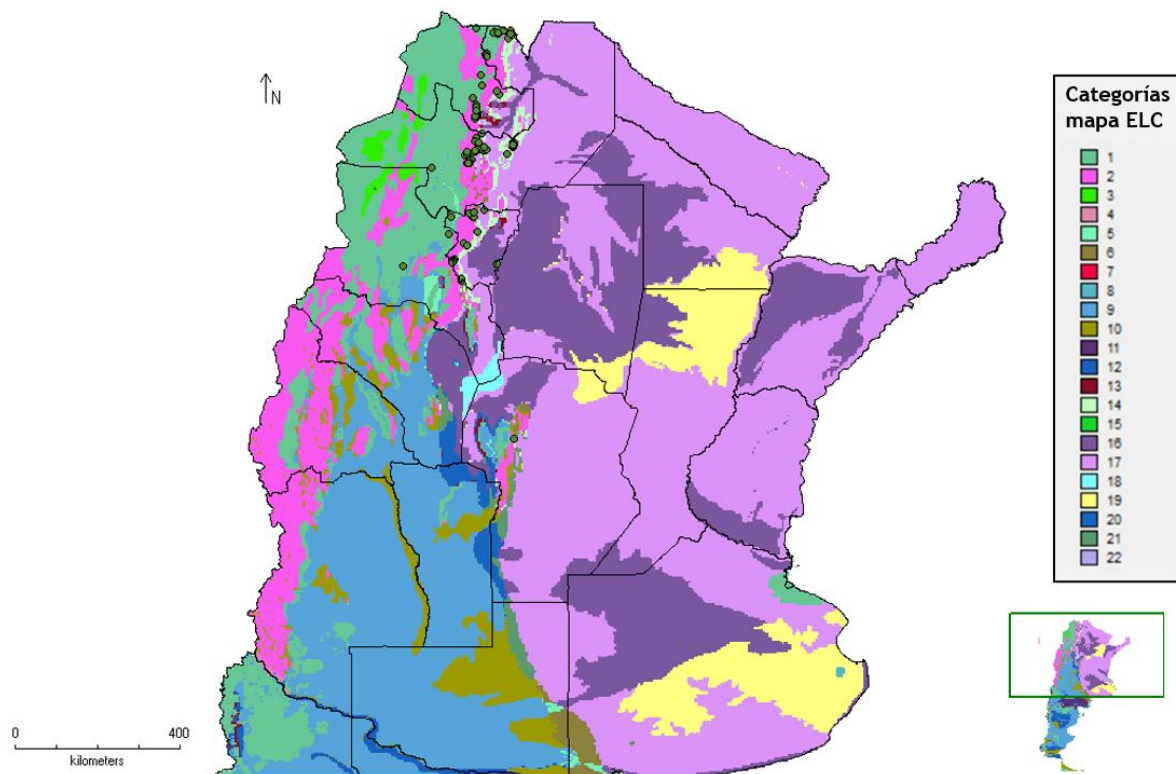


Figura 4.14. Mapa ELC (Ecogeographical Land Characterization) de Argentina, donde se muestran las 22 categorías obtenidas, así como la localización de las accesiones evaluadas (círculos verdes).

Con respecto a la distribución porcentual de la superficie ocupada por cada categoría, se observaron 3 categorías, la 9, 16 y 17, que representan el 61% de la superficie total (Tablas VIII, IX y X del anexo).

Las 236 accesiones evaluadas se distribuyeron, según los sitios de recolección, en 8 de las 22 categorías ELC establecidas (Tabla 4.12, Tabla VII del anexo y Figura 4.14). El 98% de las accesiones se distribuyeron solo en las categorías 1, 2, 14 y 17. De éstas cuatro categorías, solo la 17 se encontró entre las categorías ecogeográficas más frecuentes obtenidas a partir del mapa ELC.

Las variables ambientales de las cuatro categorías en las que se distribuyó el 98% de las accesiones, en las que se encontraron tanto poblaciones silvestres como variedades locales tienen valores de precipitación entre 202 y 910 mm anuales, precipitación en el trimestre más frío entre 39 y 139 mm, precipitación en el trimestre más seco entre 15 y 99 mm, temperatura media en el mes de octubre entre 6,9 y 19,2 °C y una temperatura media del trimestre más frío entre 1,8 y 13,0 °C, una altitud entre 174 y 3077 m y una pendiente entre 0,1 y 3,7 grados (Tablas VIII y IX del anexo).

Tabla 4.12. Categorías ecogeográficas (ELC) correspondientes a las 236 accesiones de *P. vulgaris* evaluadas. Se muestra también el desglose en las categorías bioclimática, geofísica y edáfica, el % de accesiones y el n° de accesiones por grupo.

Cat. ELC	Cat. Bioclimática	Cat. Geofísica	Cat. Edáfica	N° accesiones	% accesiones	N° accesiones silvestres	N° Variedades locales
1	1	1	1	61	25,8	8	53
2	1	1	2	78	33,1	77	1
6	1	2	2	2	0,8	2	-
9	1	3	1	1	0,4	-	1
10	1	3	2	1	0,4	1	-
14	2	1	2	54	22,9	27	27
16	2	2	1	1	0,4	1	-
17	2	2	2	38	16,1	26	12

Por otro lado, se observaron cuatro categorías donde solo se encontraron una o dos accesiones. En las categorías 6, 10 y 16 solo se observaron 1 o 2 accesiones correspondientes a poblaciones silvestres, en las que se observó un valor de precipitación anual entre 337 y 820 mm, precipitación del trimestre más seco entre 43 y 77 mm, temperatura media en el mes de octubre entre 10,8 y 19,6 °C, temperatura media del trimestre más frío entre 4,2 y 13,0 °C, una altitud inferior a los 575 m, una pendiente entre 0,1 y 0,6 grados y suelos con pH entre 6,1 y 6,9 (Tablas VIII, IX y X del anexo)

En la categoría 9 solo se observó una variedad local. Esta categoría se destacó por presentar valores bajos de precipitación anual (280 mm) y precipitación del trimestre más seco (35 mm) que las categorías con presencia de poblaciones silvestres y altos valores para el porcentaje de arena en suelo superficial (75,5%), el pH (7,6) y la salinidad en suelo superficial y en subsuelo (0,2 y 0,3 dS/m) (Tablas VIII y X del anexo). Estas categorías serían relevantes para realizar nuevas expediciones de colecta y aumentar la representatividad de las accesiones procedentes de estos sitios en la colección conservada.

4.3.1 Análisis espacial de la diversidad ecogeográfica

La Figura 4.15a, a través de un código de colores, muestra la diversidad ecogeográfica en las diferentes zonas de origen de las accesiones analizadas. Se identificaron áreas con alta diversidad ecogeográfica en las provincias de Salta (departamentos Santa Victoria, La Caldera, Capital y Cerrillos), Jujuy (departamentos Valle Grande y Dr. Manuel Belgrano) y Tucumán (departamento Trancas).

En el mapa de densidad de entradas (Figura VIII del anexo) se puede observar la existencia de dos áreas de mayor densidad, localizadas en el centro (departamentos de Rosario de Lerma y Chicoana) y norte de la provincia de Salta (departamentos Iruya y Santa Victoria Oeste). También se identificaron zonas con densidad media, localizadas en los departamentos capital, y Anta, en Salta, los departamentos Gral Belgrano y Tumbaya, en Jujuy y Chichigasta en Tucumán.

Cuando se compararon ambos mapas, se observó que las zonas con alta densidad de accesiones en el área de influencia coinciden con las zonas de alta diversidad ecogeográfica.

También se observaron otras zonas, donde la diversidad ecogeográfica es alta y la densidad de entradas colectadas es intermedia como en los departamentos de Trancas (provincia de Tucumán), Valle Grande (Jujuy) y La Caldera (provincia de Salta).

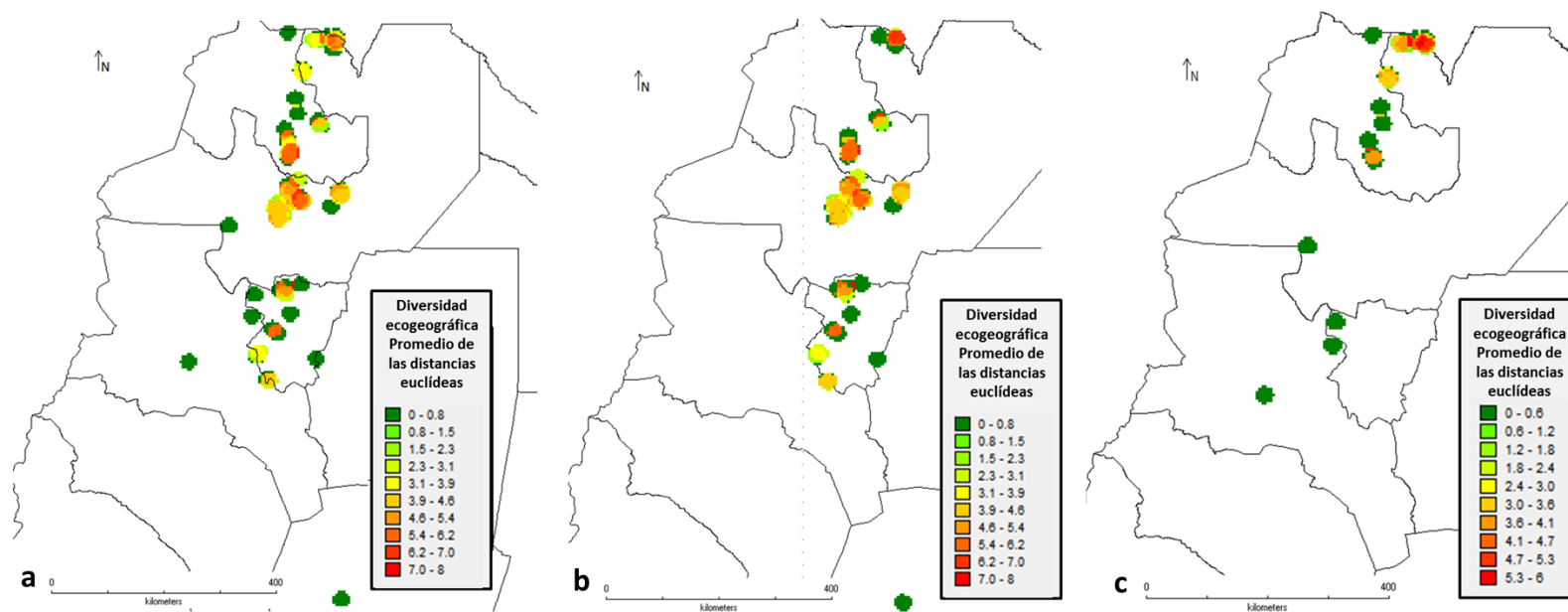


Figura 4.15. a) Mapa de la diversidad ecogeográfica observada en las distintas zonas de Argentina donde se realizó la colecta del germoplasma de judía evaluado. El gradiente de colores indica los valores promedio de las distancias euclídeas calculadas para cada área de influencia de cada celda. b) Mapa de la diversidad ecogeográfica donde se realizó la colecta de germoplasma silvestre y c) de variedades locales de judía evaluado.

4.3.1.1 Análisis espacial de la diversidad ecogeográfica entre grupos de accesiones

Cuando se analizó la diversidad ecogeográfica considerando únicamente las accesiones silvestres (Figura 4.15b) se observaron zonas con alta diversidad ecogeográfica en las provincias de Salta (departamentos de Santa Victoria, La Caldera y Capital), Jujuy (departamentos Valle Grande y Dr. Manuel Belgrano) y Tucumán (departamentos Trancas y Tafi del Valle) (Figura VIII anexo). Con respecto a las variedades locales, las zonas de mayor diversidad ecogeográfica correspondieron a los departamentos Santa Victoria e Iruya, en la provincia de Salta y Tumbaya, en la provincia de Jujuy (Figura 4.15c).

4.3.2 Análisis espacial de la diversidad agromorfológica

. La prueba de Mantel reveló una correlación significativa ($r = 0,37$; $p = 0,0001$) entre la matriz de distancias de Gower, generada a partir de los datos agromorfológicos, y la matriz de distancias geográficas entre las accesiones. En la Figura 4.16a se observa el mapa de diversidad agromorfológica con los valores promedio de las distancias de Gower. Se identificaron áreas con alta diversidad agromorfológica en las provincias de Salta (en La Caldera y Molinos), Jujuy (Valle grande y Tumbaya), Tucumán (Trancas, Tafi del valle y Chicligasta) y Catamarca (Andalgalá y Belén). Al comparar este mapa con el de densidad de accesiones en el área de influencia, se observó coincidencia entre las zonas de mayor diversidad y aquellas con un número intermedio de accesiones. Además, se encontró una correlación significativa ($r = 0,34$; $p = 0,0001$) entre las matrices de distancia de Gower de los datos agromorfológicos y de los datos ecogeográficos. Al comparar ambos mapas se pudieron identificar sitios con alta diversidad ecogeográfica y baja diversidad agromorfológica (como en el departamento de Santa Victoria Oeste, en Salta); zonas con diversidad ecogeográfica y agromorfológica media (departamentos Iruya y Anta en la provincia de Salta y la zona de la cuesta del Clavillo, comprendida entre los departamentos Chicligasta y Andalgalá de las provincias de Tucumán y Catamarca); zonas con alta diversidad ecogeográfica y diversidad agromorfológica media (departamentos Dr. Manuel Belgrano en Jujuy y Salta capital) y zonas de alta diversidad ecogeográfica y agromorfológica (departamento Trancas y Tafi del Valle en Tucumán, La Caldera en Salta y Valle Grande en Jujuy).

4.3.2.1 Análisis de la diversidad agromorfológica entre grupos de accesiones

Cuando se comparó la matriz de distancia de Gower para los caracteres agromorfológicos y las distancias geográficas de las accesiones silvestres se observó una correlación significativa ($r = 0,12$; $p = 0,005$), al igual que para las variedades locales ($r = 0,25$; $p = 0,0002$). A partir de la comparación entre la matriz de distancia de Gower con los datos agromorfológicos y la de los datos ecogeográficos, no se observó correlación para las accesiones silvestres ($r = 0,07$; $p = 0,061$) pero si para las variedades locales ($r = 0,22$; $p = 0,0000$).

Al analizar el mapa de diversidad para las accesiones silvestres se observaron zonas con alta diversidad agromorfológica en los departamentos de La Caldera y Santa Victoria Oeste en la provincia de Salta, Trancas y Tafi del Valle en la provincia de Tucumán y Valle Grande en Jujuy (Figura 4.16b). Para las variedades locales, las zonas de mayor diversidad agromorfológica correspondieron a los departamentos Molinos, en Salta, Tumbaya en Jujuy y el departamento Belén en Catamarca. Al comparar este mapa con el de densidad de accesiones en el área de influencia (Figura VIII del anexo), se observó coincidencia entre las zonas con mayor diversidad agromorfológica y las zonas con una baja densidad de accesiones.

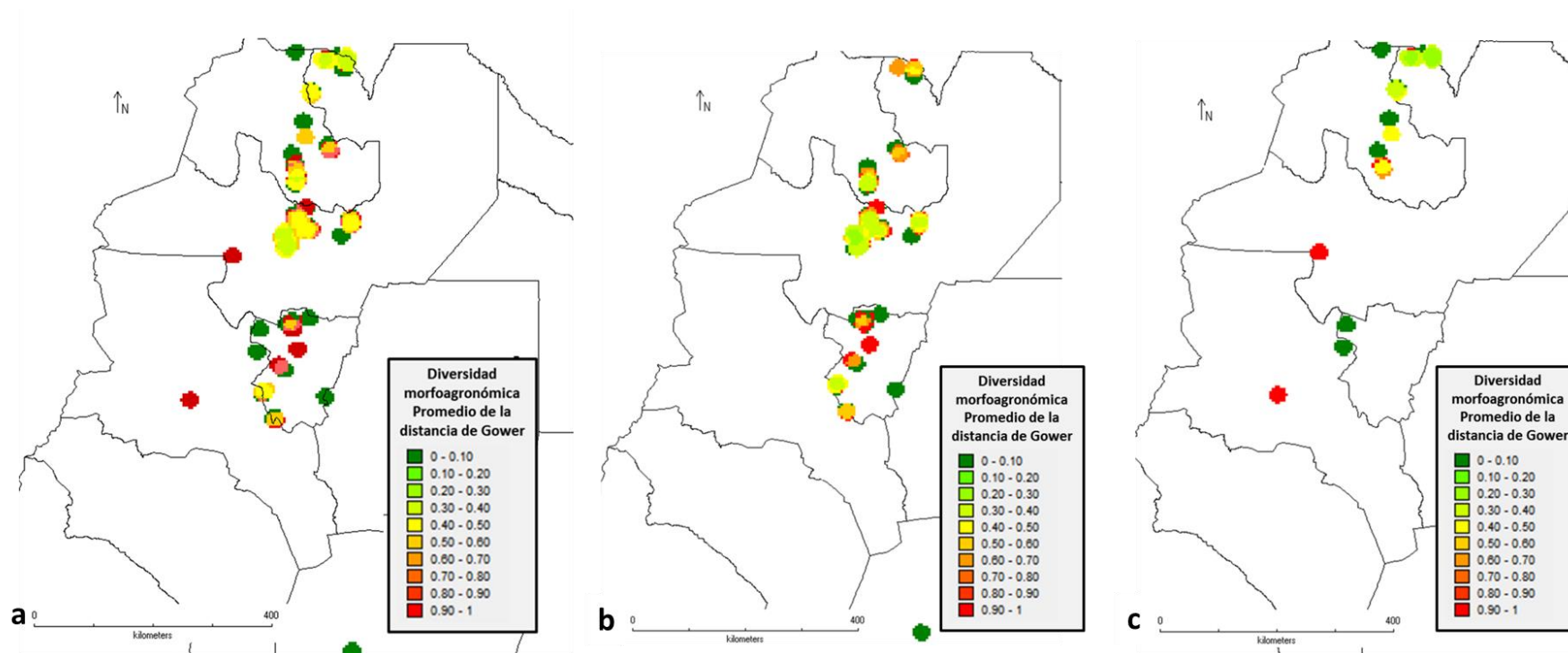


Figura 4.16. a) Mapa de la diversidad agromorfológica en las distintas zonas donde se recolectó el germoplasma evaluado de judía en Argentina. El gradiente de colores indica los valores promedio de la distancia de Gower calculados para cada área de influencia de cada celda. b) Mapa de la diversidad agromorfológica en sitios de colecta de germoplasma silvestre y c) de variedades locales de judía evaluado.

4.3.3 Análisis espacial de la diversidad genética

A partir de la prueba de correlación de Mantel entre la matriz de distancias genéticas y la de distancias geográficas correspondientes a los 115 individuos analizados se observó una correlación significativa ($r = 0,25$; $p = 0,0001$). Al comparar la matriz de distancias agromorfológicas y la matriz de distancias genéticas también se observó una correlación significativa ($r = 0,38$; $p = 0,0000$).

En el mapa de diversidad genética elaborado utilizando los valores promedio del coeficiente de distancias de Dice (Figura 4.17a), las zonas de mayor diversidad se observaron en los departamentos Santa Victoria Oeste, en la provincia de Salta, Dr. M. Belgrano en Jujuy y Trancas y Chicligasta en Tucumán y Andalgalá, en Catamarca. Estas zonas coincidieron con zonas de diversidad agromorfológica media a alta (Figura 4.16a).

Las zonas de mayor diversidad molecular coincidieron con zonas con una densidad de accesiones intermedia, de manera análoga a lo observado para la diversidad agromorfológica, excepto para el departamento Santa Victoria Oeste.

Cuando se compararon las distancias genéticas con las distancias ecogeográficas también se observó una correlación significativa ($r = 0,24$; $p = 0,0001$). Se identificaron zonas con alta diversidad ecogeográfica y moderada a alta diversidad genotípica en los departamentos Santa Victoria y Capital, en la provincia de Salta, Manuel Belgrano en la provincia de Jujuy y Trancas en la provincia de Tucumán.

Con relación a la distribución espacial de la proporción de marcadores polimórficos (Figura 4.18a) las zonas en las que se observó mayor polimorfismo corresponden a los departamentos Santa Victoria Oeste, Rosario de Lerma y Chicoana, en la provincia de Salta. En los departamentos de Chicligasta (Tucumán), Andalgalá (Catamarca), Anta, Capital, Iruya (Salta) y Dr. M. Belgrano (Jujuy) se observaron zonas con polimorfismo intermedio. También se observó que las zonas con mayor proporción de marcadores polimórficos se correspondieron con una mayor densidad media de accesiones en el área de influencia establecida.

4.3.3.1 Análisis espacial de la diversidad genética entre grupos de accesiones.

A partir de la prueba de correlación de Mantel entre la matriz de distancias genéticas y la de distancias geográficas se observó una correlación significativa ($r = 0,14$; $p = 0,010$) para las poblaciones silvestres, resultando para las variedades locales marginalmente significativa ($r = 0,16$; $p = 0,059$).

Cuando se compararon las distancias genéticas con las distancias ecogeográficas para las poblaciones silvestres se observó una correlación significativa ($r = 0,11$; $p = 0,027$), a diferencia de las variedades locales ($r = 0,08$; $p = 0,1986$).

Cuando se comparó la matriz de distancias agromorfológicas y la matriz de distancias genéticas para las poblaciones silvestres se obtuvo una correlación baja pero significativa ($r = 0,10$; $p = 0,009$) y para las variedades locales, la correlación también fue significativa ($r = 0,26$; $p = 0,002$).

A partir del mapa de diversidad molecular elaborado el promedio de la distancia genética las accesiones silvestres (Figura 4.17b) se observaron zonas de alta diversidad en los departamentos Santa Victoria Oeste, Capital, Rosario de Lerma, Chicoana y Anta, en la provincia de Salta, los departamentos Dr. Manuel Belgrano y Valle Grande en la provincia de Jujuy, los departamentos Trancas y Chicligasta en Tucumán y Andalgalá, en Catamarca. Estas zonas coincidieron con zonas de diversidad agromorfológica intermedia excepto para el departamento de Trancas (Tucumán) que tuvo alta diversidad (Figura 4.16b).

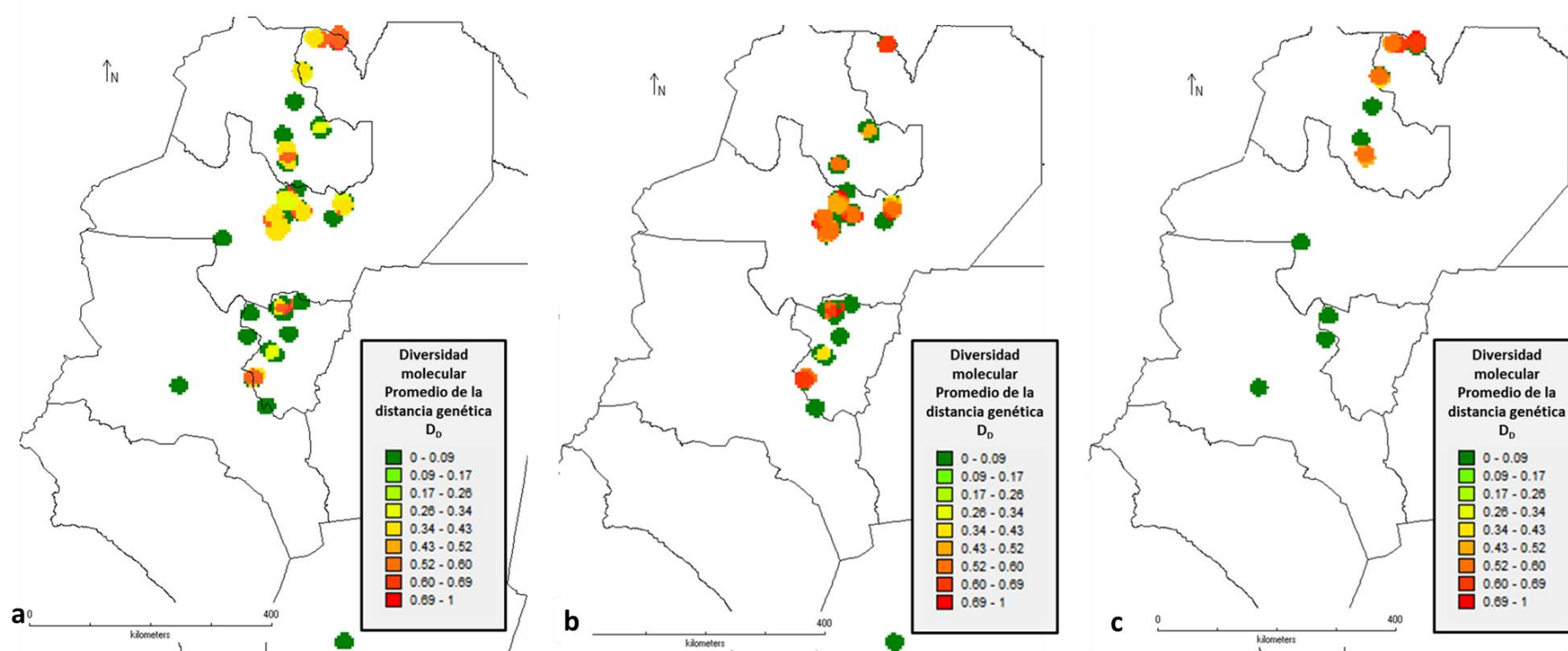


Figura 4.17. a) Mapa de la diversidad molecular en las distintas zonas donde se recolectó el germoplasma evaluado de judía en Argentina. El gradiente de colores indica los valores promedio de la distancia $DD = 1 - SD$ (siendo SD el coeficiente de asociación de Dice) calculados para cada área de influencia de cada celda. b) Mapa de la diversidad molecular en las zonas donde se recolectó el germoplasma silvestre y c) de las variedades locales de judía evaluado.

Para las variedades locales, las zonas de mayor diversidad genética correspondieron a los departamentos Santa Victoria Oeste e Iruya, en la provincia de Salta y el departamento Tumbaya, en la provincia de Jujuy (Figura 4.17c), coincidiendo con una diversidad agromorfológica baja e intermedia (Figura 4.16c).

Con relación a la distribución espacial de la proporción de marcadores polimórficos (Figura 4.18b y 4.18c), en los mapas elaborados con los individuos silvestres y las variedades locales se pudo observar mayor polimorfismo en las zonas con densidades altas de accesiones en el área de influencia.

4.4 ANÁLISIS DE FLUJO GÉNICO ENTRE POBLACIONES SILVESTRES Y VARIEDADES COMERCIALES.

4.4.1 Diversidad morfológica en caracteres de semilla

Cuando se comparó el peso de 100 semillas se observó que las poblaciones cercanas tuvieron un peso de 10,80 g y 9,28 g y las intermedias pesaron 8,83 g y 7,47 g. Las variedades comerciales pesaron 58,99 g (Alubia), 46,43 g (Paloma), 20,17 g (NAG12) y 23,98 g (Leales 15).

De acuerdo con la clasificación de Singh *et al.* (1991a), todas las poblaciones silvestres presentaron semillas pequeñas (peso de 100 semillas < 25 g), al igual que las variedades comerciales NAG12 y Leales 15 que son judías con tegumento de color negro de origen genético Mesoamericano, mientras que las comerciales Alubia y Paloma, que son judías blancas y de origen Andino, presentaron semillas grandes (peso de 100 semillas > 40 g).

A partir del análisis de la varianza se observaron diferencias significativas en los tres caracteres de semillas analizados (longitud, ancho y grosor) (Tabla 4.13). Cuando se compararon las medias, en la variable longitud de semilla, las poblaciones silvestres se diferenciaron de las variedades comerciales Alubia y Paloma. En el ancho de semillas, la población silvestre Ca se diferenció de todas las comerciales y de la población intermedia más alejada y también se observaron diferencias significativas entre el resto de las poblaciones silvestres y las variedades Paloma, Leales15 y NAG12. En cuanto al grosor de las semillas se observaron diferencias significativas entre las poblaciones cercanas y las variedades comerciales Alubia y NAG12.

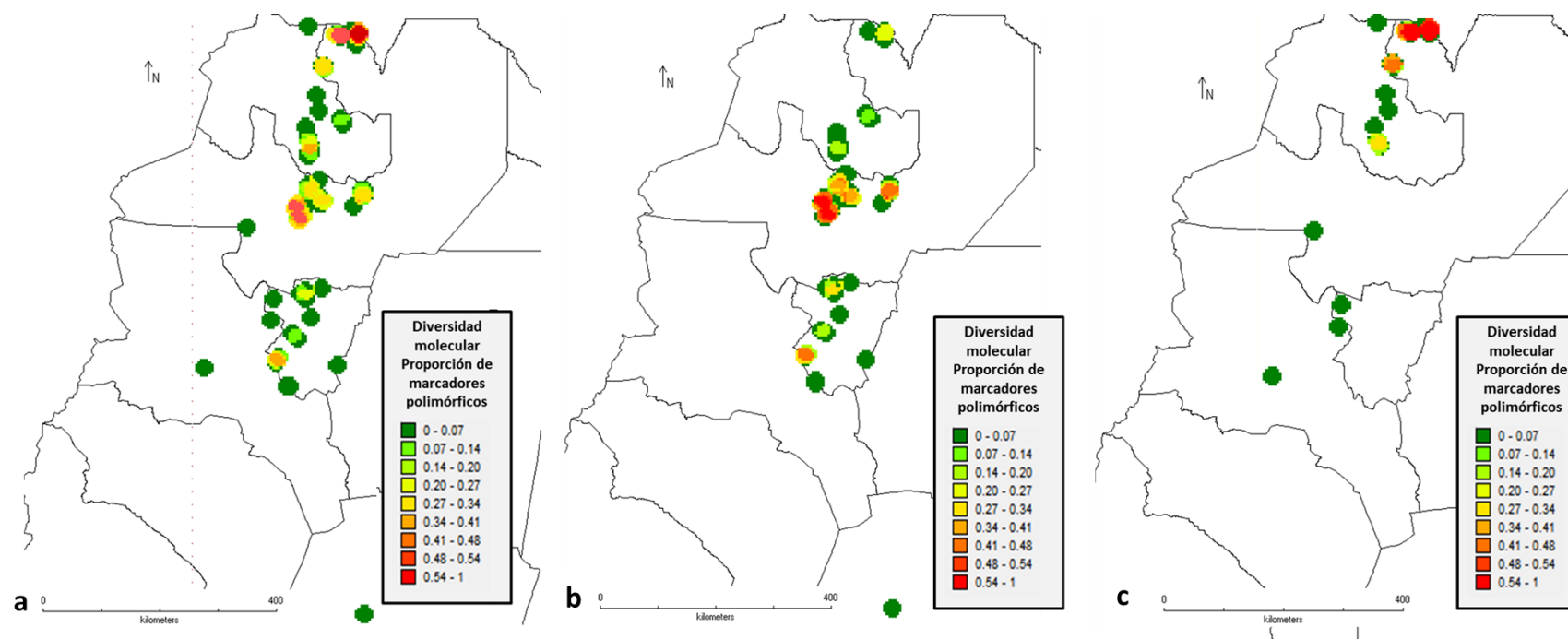


Figura 4.18. a) Mapa de la diversidad molecular calculada a partir de la proporción de marcadores polimórficos en las distintas zonas donde se recolectó el germoplasma evaluado de judía en Argentina. b) Mapa de la diversidad molecular en función de la proporción de marcadores polimórficos en las zonas donde se recolectó el germoplasma silvestre y c) de variedades locales de judía evaluado.

Tabla 4.13. Comparación de los caracteres de semilla (longitud, ancho y grosor) entre las poblaciones silvestres y las variedades comerciales de judía evaluadas. Variedades comerciales: Al: alubia; Pal: Paloma; NAG12, L15: Leales 15; silvestres: Ca y Cb: poblaciones cercanas a sitio de cultivo (menos de 3 km); la e lb: poblaciones situadas a una distancia intermedia de un sitio de cultivo (entre 3 y 10 km). D.E: desviación estándar, Min: mínimo y Máx.: máximo de los caracteres de semilla analizados, DMS: diferencia mínima significativa para la prueba de Bonferroni y CV% coeficiente de variación. Letras iguales dentro de cada columna indican diferencias no significativas ($p > 0,05$).

ID	Longitud de semilla				Ancho semillas				Grosor semillas			
	Media	D.E	Mín	Máx	Media	D.E.	Mín	Máx	Media	D.E.	Mín	Máx
Al	13,49 A	1,35	11,36	15,24	4,94 BC	0,28	4,26	5,29	3,59 A	0,33	3,02	4,02
Pal	11,64 B	1,11	10,29	13,84	3,96 D	0,59	3,21	5,32	2,83 BC	0,48	1,81	3,29
NAG12	7,46 CD	0,5	6,68	8,19	3,49 D	0,33	2,8	3,94	1,7 D	0,25	1,2	1,99
L15	7,3 CD	0,6	6,38	8,56	3,55 D	0,37	3,07	4,21	2,76 BC	0,46	2,05	3,41
Ca	8,22 C	0,51	7,19	8,88	5,56 A	0,29	5,25	6,05	3,03 B	0,19	2,73	3,31
Cb	7,29 CD	0,51	6,39	7,92	5,29 AB	0,35	4,58	5,64	2,88 BC	0,22	2,45	3,18
la	7,84 CD	0,69	7,01	9,42	5,27 AB	0,4	4,72	5,91	2,5 C	0,24	2,16	2,84
lb	7,01 D	0,43	6,12	7,45	4,69 C	0,4	4,24	5,51	2,48 C	0,18	2,18	2,73
Valor P	<0,0001				<0,0001				<0,0001			
DMS	1,12642				0,56031				0,45461			
CV%	8,84				8,41				11,51			

Utilizando estos mismos caracteres se realizó un análisis de componentes principales (Figura 4.19). Los dos primeros componentes contribuyeron a explicar el 91% de la variabilidad observada. Las poblaciones silvestres se diferenciaron de las variedades comerciales en el componente principal 2 por presentar semillas más anchas y se agruparon entre ellas según su distancia al sitio de cultivo. Las variedades comerciales se distribuyeron a lo largo de todo el componente principal 1, en el que cada variedad ocupó una porción bastante definida de la variación total. Además, las poblaciones silvestres se ubicaron en una posición intermedia al rango de variación presentado por las comerciales.

Posteriormente se realizó un análisis de agrupamiento utilizando el coeficiente de distancia euclídea (Figura 4.20). El ajuste de los datos a su representación gráfica, obtenido a partir de la prueba de Mantel fue alto ($r = 0,82$). A un valor de distancia euclídea cercano a dos se observaron cuatro grupos, uno de ellos correspondiente a las poblaciones silvestres y los tres restantes a las variedades comerciales. Dentro de las poblaciones silvestres, se observó que las poblaciones cercanas presentaron mayor similitud entre ellas.

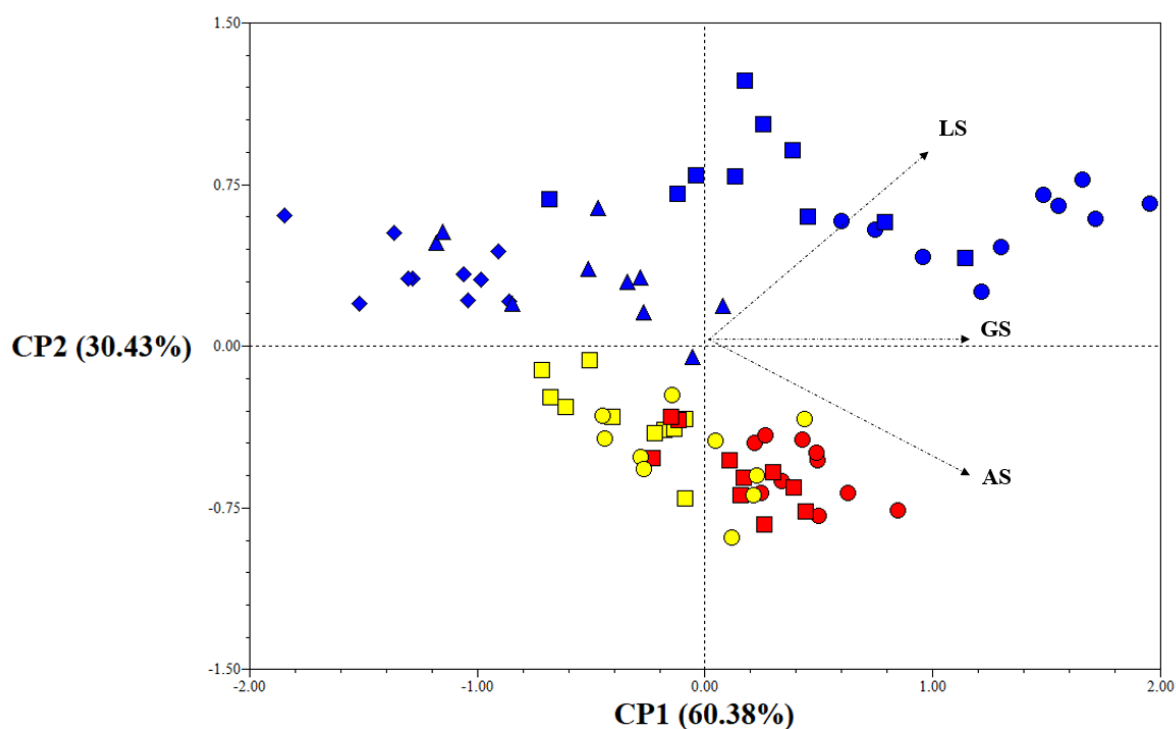


Figura 4.19. Ordenamiento de las poblaciones silvestres y las variedades comerciales de *P. vulgaris* en función de los componentes principales CP1 y CP2, obtenido a partir de los datos morfológicos de semillas de 10 individuos por población/variedad comercial. Los símbolos de color azul representan a las variedades evaluadas (Alubia, Paloma: cuadrado, NAG12: rombo y Leales 15: triángulo), los de color rojo a las poblaciones silvestres cercanas a los cultivos (Ca y Cb), los de color amarillo a las poblaciones intermedias (Ia e Ib). Los vectores indican la contribución de variable sobre los ejes (LS: longitud de semilla, AS: ancho de semilla, GS: grosor de semilla)

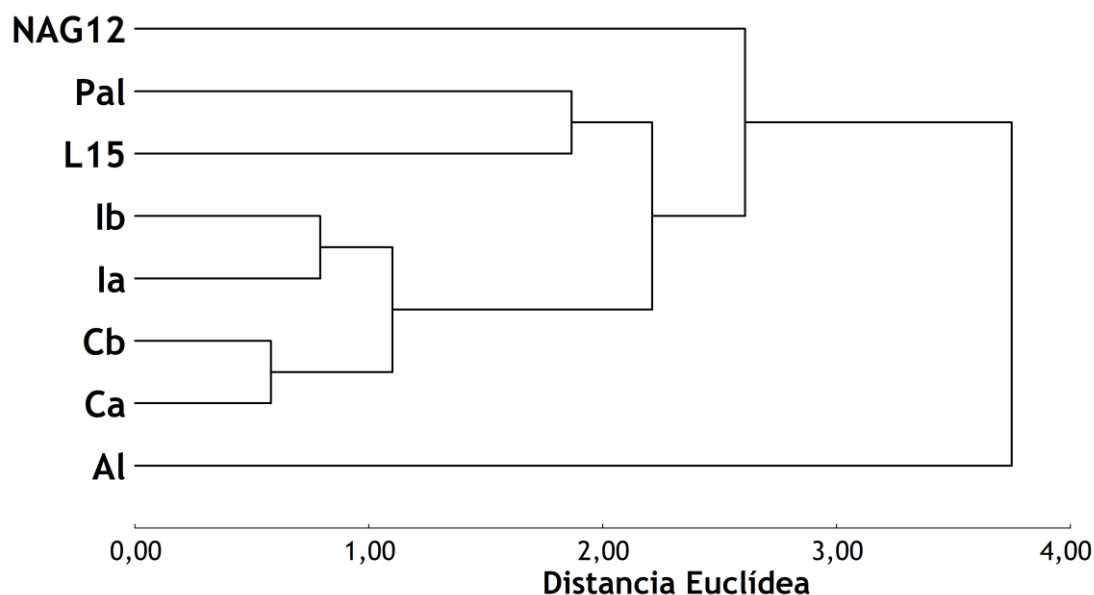


Figura 4.20. Dendrograma generado utilizando el método UPGMA a partir de la matriz obtenida al aplicar el coeficiente de distancia euclídea sobre los datos morfológicos de semillas de 10 individuos de las poblaciones silvestres y variedades comerciales de *P. vulgaris* evaluados. Variedades comerciales: N12: NAG12, L15: Leales 15, Al: alubia; Pal: Paloma; silvestres: Ca y Cb: poblaciones cercanas a sitio de cultivo; Ia e Ib: poblaciones situadas a una distancia intermedia de un sitio de cultivo.

4.4.2 Análisis de la diversidad genética

A partir de los 13 cebadores amplificados se obtuvieron un total de 56 alelos (Tabla 4.14) con un porcentaje medio de loci polimórficos de 86,00%. En la población cercana Cb y las variedades comerciales el porcentaje de loci polimórficos fue 92,31%, en las poblaciones cercanas Ca e Intermedia Ia fue 84,62% y en la población intermedia Ib fue 76,92%.

Tabla 4.14. Nombre del locus, tamaño de los alelos en pares de bases y frecuencias observadas en cada una de las poblaciones silvestres y las variedades comerciales estudiadas. Con sombra gris se indican los alelos raros o privados.

Locus	Alelo	Poblaciones silvestres				Variedades comerciales
		Ca	Cb	Ia	Ib	
GATS91	200	0,000	0,200	0,000	0,100	0,000
	230	0,300	0,400	0,700	0,900	0,000
	250	0,700	0,400	0,300	0,000	0,500
	260	0,000	0,000	0,000	0,000	0,250
	270	0,000	0,000	0,000	0,000	0,250
PVag001	50	0,000	0,000	0,000	0,000	0,500
	65	0,000	0,000	0,000	0,000	0,500
	155	1,000	0,900	1,000	1,000	0,000
	165	0,000	0,100	0,000	0,000	0,000
PVat007	215	0,400	0,200	0,700	0,700	0,000
	230	0,600	0,800	0,300	0,300	0,250
	240	0,000	0,000	0,000	0,000	0,250
	250	0,000	0,000	0,000	0,000	0,250
	260	0,000	0,000	0,000	0,000	0,250
BM210	163	0,000	0,000	0,400	0,000	0,750
	166	0,300	0,200	0,200	0,400	0,000
	170	0,300	0,500	0,200	0,000	0,000
	175	0,200	0,200	0,200	0,600	0,250
	179	0,200	0,100	0,000	0,000	0,000
BM143	120	0,000	0,000	0,000	0,000	0,500
	125	0,100	0,000	0,600	0,400	0,000
	130	0,900	0,600	0,400	0,600	0,250
	138	0,000	0,400	0,000	0,000	0,000
	145	0,000	0,000	0,000	0,000	0,250
BM151	133	0,000	0,000	0,200	0,000	0,000
	138	0,300	0,000	0,100	0,200	0,250
	141	0,600	0,200	0,300	0,300	0,500
	145	0,100	0,700	0,400	0,400	0,250
	148	0,000	0,100	0,000	0,100	0,000
BM201	98	0,000	0,000	0,000	0,000	0,250

	100	0,100	0,100	0,300	0,000	0,500
	105	0,900	0,900	0,700	1,000	0,250
BMd1	157	0,000	0,000	0,100	1,000	0,000
	161	0,900	0,100	0,900	0,000	1,000
	165	0,100	0,300	0,000	0,000	0,000
	169	0,000	0,600	0,000	0,000	0,000
BMd20	115	0,000	0,600	0,000	0,500	0,500
	118	1,000	0,200	0,100	0,200	0,500
	123	0,000	0,200	0,900	0,300	0,000
BMd42	150	0,700	0,000	0,400	0,000	0,250
	154	0,300	1,000	0,300	0,000	0,000
	160	0,000	0,000	0,300	0,300	0,750
	166	0,000	0,000	0,000	0,700	0,000
BMd44	121	0,000	0,000	0,000	0,000	0,250
	125	0,500	0,000	0,000	0,000	0,250
	128	0,400	0,100	0,200	0,200	0,000
	132	0,100	0,700	0,800	0,500	0,500
	135	0,000	0,200	0,000	0,200	0,000
	138	0,000	0,000	0,000	0,100	0,000
Pvctt001	135	0,000	0,100	0,000	0,000	0,000
	140	0,700	0,400	1,000	0,900	0,500
	145	0,300	0,500	0,000	0,100	0,500
PvM66	180	0,600	0,000	0,000	0,000	0,750
	185	0,300	0,000	0,200	0,200	0,250
	190	0,100	0,900	0,800	0,800	0,000
	195	0,000	0,100	0,000	0,000	0,000

Se observaron 25 alelos solo en las poblaciones silvestres y 20 alelos comunes para las poblaciones silvestres y las variedades comerciales. Dos alelos, correspondientes a los cebadores BMd44 (125 pb) y PvM66 (180 pb) estuvieron presentes en las comerciales y en las poblaciones silvestres cercanas pero ausentes en las poblaciones silvestres intermedias.

También se identificaron cinco alelos raros para las poblaciones silvestres cercanas, tres para las intermedias y once para las variedades comerciales.

El número medio de alelos, el número medio de alelos efectivos y el índice de diversidad de Shannon en las poblaciones silvestres y las variedades comerciales se presentan en la Tabla 4.15. El número medio de alelos fue levemente mayor en la población silvestre cercana Cb con respecto al resto de las poblaciones silvestres y a las variedades comerciales. El número de alelos efectivos y la mayor diversidad correspondió a las comerciales. Sin embargo, cuando se analizaron las poblaciones cercanas (Ca-Cb) e intermedias (Ia-Ib) juntas, la mayor diversidad correspondió a las poblaciones silvestres cercanas.

Tabla 4.15. Valores promedio por poblaciones silvestres y variedades comerciales del N° de alelos, N° de alelos efectivos, índice de información de Shannon y N° de alelos raros o privados.

Población	Ca	Cb	Ia	Ib	Variedades comerciales
N° alelos	2,231	2,538	2,231	2,154	2,462
N° alelos efectivos	1,795	1,869	1,871	1,778	2,241
Índice de Información de Shannon	0,584	0,678	0,604	0,558	0,796
N° alelos privados	0,000	0,385	0,077	0,154	0,846

Al calcular la distancia genética de Nei entre las poblaciones silvestres y las variedades comerciales la mayor distancia correspondió a la población intermedia Ib y la menor distancia se observó entre la población cercana Ca y las variedades comerciales, lo que podría deberse a la existencia de flujo génico. Cuando se compararon ambos tipos de poblaciones silvestres (cercanas e intermedias) la menor distancia genética se observó entre ambas poblaciones intermedias (Ia vs Ib) (Tabla 4.16).

Tabla 4.16. Valores correspondientes a la distancia genética de Nei calculada entre las poblaciones silvestres y las variedades comerciales de *P.vulgaris* evaluadas.

	Ca	Cb	Ia	Ib	Variedades comerciales
Ca	0,000				
Cb	0,488	0,000			
Ia	0,379	0,391	0,000		
Ib	0,551	0,409	0,273	0,000	
Variedades comerciales	0,554	1,064	0,734	1,175	0,000

Como resultado del análisis de la varianza molecular se pudo observar una subdivisión significativa entre poblaciones y variedades comerciales y un alto nivel de polimorfismo dentro de las poblaciones silvestres y las variedades comerciales (70%) (Tabla 4.17).

Tabla 4.17. Análisis de la varianza molecular (AMOVA) para los 44 individuos correspondientes a las cuatro poblaciones silvestres y las variedades comerciales, con la información de los trece loci SSR. Se indican los grados de libertad (gl), las sumas de cuadrados (SC), los componentes de la varianza (CV), el porcentaje del total de la varianza debido a cada componente, el nivel de significación (P) obtenido mediante 10000 permutaciones y el valor del estadístico ϕ .

Fuente de variación	gl	SC	CV	% de la varianza total	p	Estadístico ϕ
Entre poblaciones	4	106,155	1,210	30%	0,000	$\phi_{st} = 0,300$
Dentro de poblaciones	39	219,800	2,818	70%		
Total	43	325,955	4,028	100%		

A partir del parámetro ϕ_{st} se estimó el número de migrantes (Nm) entre las poblaciones (Tabla XII anexo). El valor más alto correspondió a las poblaciones silvestres intermedias, pero este fue inferior a 1, indicando un flujo genético muy bajo entre estas poblaciones.

Cuando se realizó la comparación considerando ambas poblaciones cercanas (Ca y Cb) e intermedias (Ia e Ib) juntas, el valor más alto correspondió a la estimación entre poblaciones silvestres cercanas e intermedias ($Nm = 1,25$). De esta misma manera, cuando se compararon las poblaciones silvestres *versus* las variedades comerciales, el mayor número de migrantes se observó entre las poblaciones silvestres cercanas y las variedades comerciales, pero fue bajo ($Nm < 1$) (Tabla 4.18)

Tabla 4.18. Poblaciones comparadas, valor del estadístico ϕ_{st} obtenido y número de migrantes estimado (Nm).

Población 1	Población 2	ϕ_{st}	Nm	P
Cercanas	Intermedias	0,166	1,254	0,000
Cercanas	Variedades comerciales	0,227	0,850	0,000
Intermedias	Variedades comerciales	0,328	0,511	0,000

4.4.3 Estructura genética

Inicialmente se estimó el número óptimo de grupos (K) analizando valores desde 1 hasta 15. El número óptimo de grupos obtenido fue K=3, indicando que la diversidad genética observada se estructuraría en tres grupos. No se encontraron indicios de estructura genética para valores de K superiores, lo que implica que los datos moleculares de los trece *loci* microsatélites no permitieron diferenciar otros grupos o subgrupos genéticamente homogéneos dentro de estos tres grupos principales. Los resultados para el valor K = 3 indicaron que la mayoría de los individuos (86%) se distribuyeron en los tres grupos, observándose que algunos fueron más difíciles de asignar a un grupo específico, posiblemente debido a la ocurrencia de cierto nivel de mezcla en su composición genética (Figura 4.21).

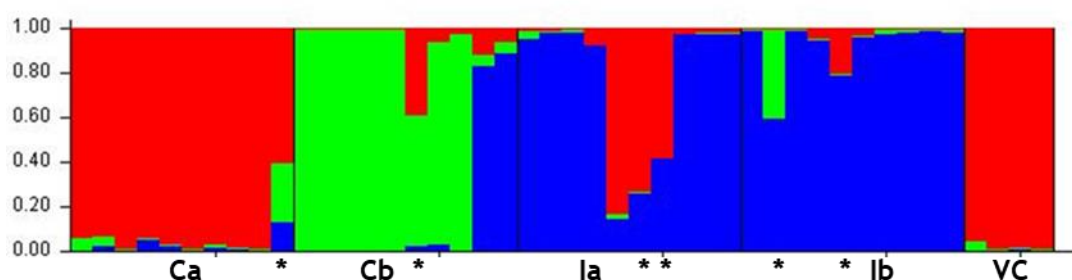


Figura 4.21. Representación gráfica del agrupamiento bayesiano de los 44 individuos de *P. vulgaris* analizados con el programa STRUCTURE para K = 3. Ca y Cb: poblaciones cercanas a sitio de cultivo; Ia e Ib: poblaciones situadas a una distancia intermedia de un sitio de cultivo; VC: Variedades comerciales. Se indican con un asterisco los híbridos putativos.

Para determinar las probabilidades de asignación de cada individuo, se eligió la simulación (de un total de 20 simulaciones independientes para K=3) que mostró el valor más alto de probabilidad posterior de los datos [$\ln P(D) = -945,4$]. La Tabla 4.19 detalla las probabilidades posteriores de asignación para los 44 individuos analizados con K=3. Los individuos se asignaron a uno de los tres grupos en función de un valor de probabilidad posterior de asignación igual o superior a 0,80 ($Q \geq 0,80$). El 90% de los individuos de la población Ca se incluyó en el grupo 1. El 70% de los individuos de la población Cb se incluyó dentro del grupo 2. El 70% de la población Ia se incluyó dentro del grupo 3, al igual que el 80% de la población Ib. Todas las variedades comerciales se incluyeron en el grupo 1.

Los seis individuos restantes, al presentar probabilidades de asignación menores al 80% para cualquiera de los tres grupos, se consideraron híbridos putativos (H). Su proximidad a uno u otro grupo genético se determinó por la probabilidad de asignación.

Esta diferenciación en tres grupos se corroboró también por el valor α (grado de mezcla) inferido ($\alpha = 0,05$) con el programa STRUCTURE. Estos resultados indican la ocurrencia de una gran diversidad genética dentro del grupo silvestre y permitieron identificar similitud

genética entre las variedades comerciales y la mayoría de los individuos de la población Ca. Dos de los individuos clasificados como híbridos tendrían similitudes con los grupos 1 y 2, es decir con las poblaciones silvestres cercanas, tres individuos con los grupos 1 y 3 (Ca e intermedias) y uno presentó afinidad con los grupos 2 y 3 (cercana Cb e intermedias).

Tabla 4.19. Asignación de los 44 individuos de *P. vulgaris* estudiados a los grupos genéticos 1, 2 y 3 e híbridos (H) utilizando el programa STRUCTURE (probabilidades de asignación para K = 3). La clasificación de los individuos en silvestres y variedades comerciales se realizó sobre la base de sus características morfológicas.

ID	Probabilidades de asignación K=3			Asig. STR.	ID	Probabilidades de asignación K=3			Asig. STR.
	Grupo 1	Grupo 2	Grupo 3			Grupo 1	Grupo 2	Grupo 3	
Silvestres									
Ca1	0.941	0.054	0.005	1	la1	0.008	0.039	0.953	3
Ca2	0.931	0.046	0.023	1	la2	0.008	0.012	0.980	3
Ca3	0.989	0.004	0.007	1	la3	0.006	0.009	0.985	3
Ca4	0.936	0.008	0.056	1	la4	0.072	0.005	0.923	3
Ca5	0.971	0.007	0.023	1	la5	0.833	0.020	0.147	1
Ca6	0.988	0.006	0.007	1	la6	0.735	0.007	0.258	H
Ca7	0.971	0.008	0.022	1	la7	0.581	0.004	0.415	H
Ca8	0.981	0.011	0.008	1	la8	0.023	0.003	0.973	3
Ca9	0.987	0.008	0.005	1	la9	0.021	0.007	0.972	3
Ca10	0.602	0.269	0.130	H	la10	0.019	0.007	0.974	3
Cb1	0.006	0.989	0.006	2	lb1	0.005	0.005	0.990	3
Cb2	0.005	0.990	0.006	2	lb2	0.005	0.402	0.594	H
Cb3	0.003	0.992	0.005	2	lb3	0.006	0.008	0.986	3
Cb4	0.003	0.992	0.004	2	lb4	0.047	0.008	0.945	3
Cb5	0.003	0.990	0.006	2	lb5	0.203	0.007	0.791	H
Cb6	0.392	0.581	0.027	H	lb6	0.033	0.004	0.962	3
Cb7	0.061	0.906	0.033	2	lb7	0.004	0.019	0.977	3
Cb8	0.025	0.970	0.005	2	lb8	0.004	0.017	0.979	3
Cb9	0.118	0.049	0.833	3	lb9	0.004	0.008	0.988	3
Cb10	0.063	0.051	0.886	3	lb10	0.004	0.016	0.980	3
Variedades comerciales									
VC1	0.953	0.041	0.006	1					
VC2	0.987	0.007	0.006	1					
VC3	0.985	0.005	0.010	1					
VC4	0.990	0.003	0.006	1					

4.4.4 Relaciones genéticas

Utilizando la distancia de Dice se obtuvo un dendrograma mediante el método UPGMA (Figura 4.22) La correlación observada entre la matriz cofenética del dendrograma y la matriz de distancia indicó un buen ajuste entre los agrupamientos obtenidos y los datos originales ($r = 0,78$).

El dendrograma diferenció las poblaciones silvestres de las variedades comerciales. Las variedades NAG12 y Leales 15 presentaron la menor distancia genética, observándose la mayor distancia para Paloma y Alubia. Las poblaciones silvestres se agruparon tomando una posición intermedia entre ambos grupos de variedades comerciales. Dentro de las poblaciones silvestres las intermedias presentaron menor distancia genética entre ellas y luego se agruparon con las poblaciones cercanas también a una distancia genética igual a 0,40 y posteriormente con ambos grupos de variedades, a una distancia de 0,60 y 0,71 respectivamente.

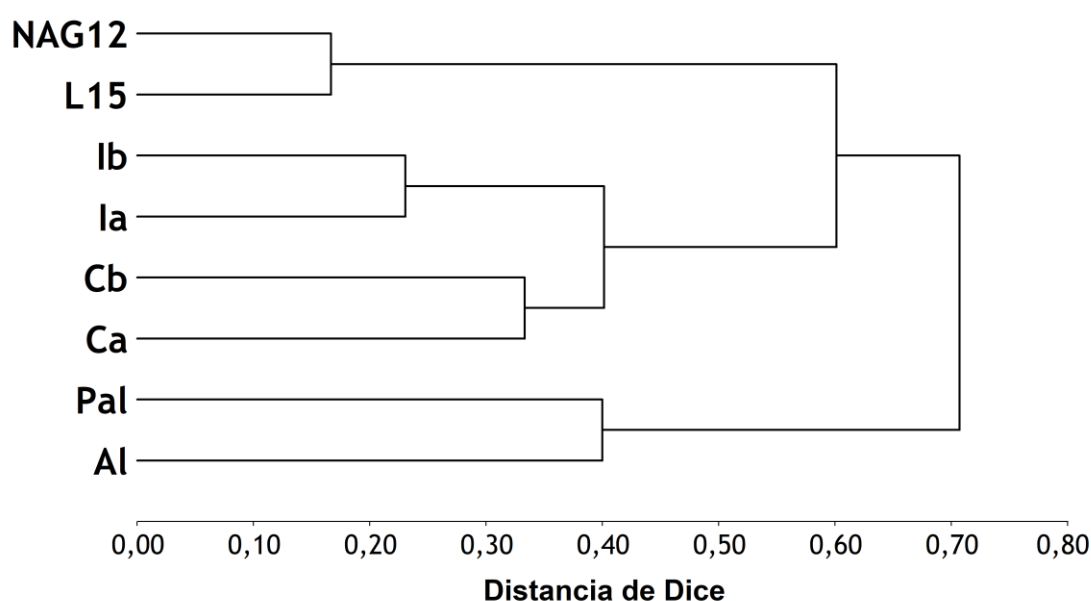


Figura 4.22. Dendrograma generado utilizando el método UPGMA a partir de la matriz obtenida al aplicar el coeficiente de distancia de Dice sobre los datos moleculares correspondientes a los fragmentos amplificados para los 13 loci SSR en los 44 individuos de *P. vulgaris* evaluados. Variedades comerciales: Al: Alubia, Pal: Paloma, NAG12 y L15: Leales 15; silvestres: Ca: población cercana a sitio de cultivo a; Cb: población cercana b; la: población situada a una distancia intermedia de un sitio de cultivo a; Ib: población intermedia b.

Por último, se evaluó la correlación entre la matriz de distancia de Dice y la distancia geográfica de las poblaciones a partir de una prueba de Mantel, obteniéndose una correlación baja pero altamente significativa ($r = 0,237$; $p = 0,001$).

Cuando se evaluó la correlación entre la matriz de distancia euclídea obtenida a partir de los datos morfológicos y la matriz de distancia de Dice se observó una correlación más alta y altamente significativa ($r = 0,492$; $p = 0,000$). Por otro lado, cuando se comparó la matriz de distancia euclídea obtenida a partir de los datos morfológicos y la de distancias geográficas se observó una correlación más baja pero significativa ($r = 0,184$; $p = 0,014$).

5 DISCUSIÓN

Este trabajo reúne los resultados de una caracterización llevada a cabo en diferentes niveles (agromorfológica, genotípico y ecogeográfico) de la diversidad existente en el germoplasma de judías silvestres y domesticadas del noroeste argentino. Las accesiones evaluadas forman parte de la colección de germoplasma conservada en el Banco del Noroeste Argentino (BANOA) de la Estación Experimental Agropecuaria Salta del Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria, la cual data de 1970.

La evaluación de la diversidad del germoplasma es esencial para lograr una adecuada conservación, gestión y uso de estos recursos fitogenéticos de importancia para la alimentación y la agricultura, sobre todo considerando que muchas de las poblaciones silvestres colectadas se encuentran actualmente amenazadas y en peligro de desaparecer *in situ*, debido a múltiples causas como la fragmentación del hábitat, la disminución de los tamaños poblacionales, el cambio climático, la antropización de los ambientes, los cambios en el uso del suelo, la extracción de recursos naturales y la introducción de especies exóticas, en combinación con factores estocásticos, como los desastres naturales o eventos climáticos extremos, que ponen en riesgo la supervivencia de distintas especies y el equilibrio en las comunidades y los ecosistemas (Primack 2002; Periago *et al.* 2015). Por otro lado, los cambios en las costumbres en la alimentación, la migración rural y el reemplazo por otros cultivos han puesto en riesgo a las variedades tradicionales cultivadas de judías, lo que se ha acentuado en los últimos años debido a la disminución de su cultivo. Sin embargo, al igual que el germoplasma silvestre, es posible que las variedades locales presenten características de interés para programas de mejoramiento, como por ejemplo la adaptación a determinados ambientes, y debido a esto es de suma importancia conocer su diversidad genética.

En este trabajo se han empleado atributos de distinto tipo (morfológicos, agronómicos, moleculares y ecogeográficos) para caracterizar la diversidad, los cuales han sido utilizados ampliamente en estudios que incluyeron a poblaciones silvestres y variedades locales.

Santalla *et al.* (2010), Vidak *et al.*, (2021), Ndlangamandla y Ntuli (2022), Özkan *et al.* (2022), Carvalho *et al.* (2023) y Catarcione *et al.* (2023) también han utilizado caracteres agromorfológicos junto con marcadores moleculares microsatélites para analizar la diversidad en variedades locales procedentes del noroeste de la Península Ibérica, Croacia, África, Turquía, Brasil e Italia. Con respecto a las poblaciones silvestres, estos marcadores han sido utilizados principalmente en estudios evolutivos, de domesticación y estructura genética (Kwak y Gepts, 2009; Blair *et al.*, 2012; McClean *et al.*, 2012; Gioia *et al.*, 2019).

Como resultado general de la caracterización del germoplasma evaluado, se observó una importante diversidad para los caracteres agromorfológicos y moleculares, en la distribución de las accesiones y en cuanto a los ambientes ecogeográficos.

5.1 CARACTERIZACIÓN AGROMORFOLÓGICA

5.1.1 Poblaciones silvestres

En las poblaciones silvestres evaluadas el inicio promedio de floración ocurrió a los 110 días, variando entre los 76 y 150 días. Toro *et al.* (1990) reportaron gran variación para este carácter al analizar germoplasma silvestre de distintos orígenes. En el germoplasma silvestre de Argentina se observaron valores de 35-40 días menores a los del presente trabajo lo que

puede deberse a que la caracterización de las poblaciones fue realizada en Colombia, en condiciones ambientales diferentes a las de su lugar de origen. Por otro lado, Santalla *et al.* (2004) observaron en 21 poblaciones silvestres del NOA, caracterizadas en invernadero calefaccionado y con control del fotoperíodo, un valor promedio de 62 días con un rango de variación de 31 a 112 días, lo cual presenta mayor similitud con los datos obtenidos en este trabajo. Con relación a los días a madurez, el valor promedio fue de 161 días, con un rango entre 120 y 204 días, lo que coincide con lo observado por Vanderborght (1983) y Brücher (1988), quienes mencionaron que todas las formas silvestres se caracterizan por presentar un ciclo largo. Sin embargo, estos valores coinciden parcialmente con lo observado por Menéndez-Sevillano (2002) a partir de la evaluación de 14 poblaciones silvestres del NOA. Es importante mencionar que tanto el inicio de floración como los días a madurez son caracteres que están influenciados por las condiciones ambientales, principalmente por la temperatura y el fotoperíodo, lo que permitiría explicar las diferencias observadas. Además, el número de poblaciones silvestres analizadas por Menéndez-Sevillano (2002) fue inferior a las evaluadas en este trabajo.

En los caracteres de hoja, el rango de variación observado para la longitud del foliolo central fue mayor a lo observado por Menéndez-Sevillano (2002), pero se encontraron comprendidos dentro del rango mencionado por Delgado-Salinas *et al.* (1988), coincidiendo además las longitudes mayores con lo observado en algunas variedades locales. Esto fue similar a lo observado para la anchura del foliolo. Las diferencias en las dimensiones del foliolo central podrían deberse a que este es un carácter influenciado por el ambiente y las caracterizaciones fueron realizadas en distintos lugares.

En cuanto a la forma del foliolo central todas las poblaciones silvestres presentaron foliolos lanceolados, lo que concuerda con lo observado por Menéndez-Sevillano (2002) y con las descripciones de hoja realizadas por Vandeborghht (1983) y Brücher (1988). Por otro lado, los valores obtenidos para la relación que determina el ángulo basal del foliolo indicarían un ángulo menor de 100° , coincidiendo con lo reportado por Berglünd-Brücher y Brücher (1976) y Brücher (1988), que expresan que las judías silvestres de origen Andino tendrían un menor ángulo que la forma Mesoamericana (110°).

Los rangos observados para los caracteres de vaina como longitud, ancho y grosor coincidieron en gran medida con lo observado por Menéndez-Sevillano (2002). Estos valores se encontraron además dentro de los rangos descritos para la forma silvestre por Brücher (1988) y Debouck (1991) en la longitud y el ancho de la vaina, aunque en este trabajo se observaron algunas poblaciones que tuvieron vainas más cortas y más estrechas. En la longitud de vaina los valores observados en las poblaciones evaluadas coincidieron con lo reportado por Santalla *et al.* (2004), pero estos autores registraron accesiones con vainas más anchas y de menor grosor.

En promedio, las poblaciones silvestres evaluadas tuvieron entre cinco y siete semillas por vaina, coincidiendo con lo mencionado por Brücher (1988) y Debouck (1991) y con los valores obtenidos por Menéndez-Sevillano (2002).

Cuando se analizó el promedio de vainas en las poblaciones silvestres se observó una gran variación en el germoplasma evaluado, al igual que en el rendimiento promedio, ya que este se calcula en función del número de vainas. La accesión BNOA451 fue la que presentó el menor promedio de vainas maduras, pudiendo deberse esto a una menor adaptación al sitio de caracterización.

Con respecto a la longitud, ancho y grosor de la semilla, los valores del rango de variación observados fueron menores a los obtenidos por Menéndez-Sevillano (2002). Considerando sólo la longitud de la semilla, los valores obtenidos se encuentran dentro de los mencionados por

Berglünd-Brücher y Brücher (1976) y por Debouck (1991) y fueron menores a los valores máximos reportados por Santalla *et al* (2004), quienes observaron poblaciones silvestres con semillas más largas.

El 100% de las poblaciones presentaron semillas pequeñas, es decir que tuvieron un peso de 100 semillas inferior a los 25 g (Singh *et al.*, 1991a). Los valores observados se encuentran dentro de los valores mencionados por Gepts y Debouck (1991) en la forma silvestre y del rango reportado por Menéndez-Sevillano (2002).

Los rangos observados en la longitud y ancho de las bractéolas de la flor son similares a los reportados por Santalla *et al.* (2004), como también lo observado en la forma de las bractéolas. Todas las accesiones tuvieron bractéolas con forma lanceolada, y cerca del 70% presentaron entre siete y nueve venas, tal como mencionan Berglünd-Brücher y Brücher (1976), Vandeborgh (1983), Brücher (1988) y Debouck (1991) como característica de la forma silvestre de *P. vulgaris*.

5.1.2 Variedades locales

En las variedades locales el inicio de floración ocurrió en promedio a los 113 días, con un rango de variación entre 46 y 141 días. Estos valores difieren de lo observado por Meza-Linares (2014) en accesiones domesticadas de Honduras, en las que se observaron inicios más tempranos. Sin embargo, fueron más similares a los resultados obtenidos por Santalla *et al.* (2004) en la caracterización de 44 variedades locales de judías andinas del NOA realizada en la Misión Biológica de Galicia (Pontevedra, España), posiblemente debido a que se trata de germoplasma del mismo acervo genético.

El 62% de las variedades locales alcanzó la madurez antes de los 161 días sugiriendo además la existencia de gran variabilidad con respecto a la duración del ciclo debido al amplio rango de variación observado. La duración del ciclo fue mayor a lo indicado por Menéndez-Sevillano (2002) cuando evaluó 55 variedades locales del NOA. Teniendo en cuenta que una variedad comercial de hábito determinado cultivada en Argentina alcanza el período de madurez total entre 40 y 90 días se puede considerar que estas variedades locales son de ciclo muy largo. Esto se puede explicar a partir del hábito de crecimiento ya que, al igual que las poblaciones silvestres, la mayoría de las variedades locales evaluadas presentaron tipo de crecimiento indeterminado trepador (hábito IV) y se ha mencionado que las plantas con este tipo de crecimiento presentan períodos de floración más largo que las de crecimiento determinado (Fancelli, 2016).

Es importante conocer la duración del ciclo de las accesiones conservadas ya que esto permite identificar materiales más precoces y tardíos y seleccionar aquellos que mejor se adapten en función de las necesidades. Por ejemplo, la siembra de variedades de ciclo corto constituye una gran ventaja y brinda una posibilidad de evitar parcialmente los efectos del estrés en la producción, en especial en zonas donde existe riesgo de sequía, siendo además materiales de interés para la adaptación al cambio climático. Además, la siembra tardía de variedades de ciclo corto permitiría obtener una cosecha anticipada con respecto a la ocurrencia de heladas tempranas (Tay, 2008; Vizgarra *et al.*, 2010). Por otro lado, las diferencias observadas en la fenología de los materiales caracterizados pueden deberse a la influencia de las condiciones ambientales sobre los caracteres estudiados (Ramalho *et al.*, 1998; FAO, 2018).

También se observó diversidad en la longitud y el ancho del foliolo central. Cerca del 63% de las variedades locales tuvieron foliolos más largos que el valor máximo observado por Menéndez-Sevillano (2002) y el 99% tuvo foliolos más anchos. Sin embargo, Santalla *et al.* (2004) al estudiar variedades andinas, observaron valores superiores a los encontrados en este trabajo. Por otro lado, Meza-Linares (2014) obtuvo valores similares a los de este trabajo, al

evaluar variedades locales de Honduras. Tanto Meza-Linares (2014), como Menéndez-Sevillano (2002) mencionan que longitudes foliares más cortas podrían estar indicando una mayor proximidad del germoplasma con las razas Mesoamericanas que presentan foliolos más cortos que las andinas (Singh *et al.*, 1991a). Sin embargo, de acuerdo con los valores obtenidos para determinar la forma del foliolo, todas las poblaciones presentaron forma lanceolada y un ángulo basal menor de 100°, lo que las relaciona con las judías silvestres de origen Andino (Berglünd-Brücher y Brücher, 1976; Brücher, 1988).

Los valores obtenidos en longitud, ancho y grosor de vaina fueron similares a los obtenidos por Menéndez-Sevillano (2002) en variedades locales del NOA, aunque los rangos observados en este trabajo fueron más amplios. Considerando como largas las vainas que tienen una longitud mayor a 80 mm (Singh *et al.*, 1989), el 99% de las entradas estudiadas tienen vainas largas y algunas superaron ampliamente este valor, como BNOA389, BNOA300, BNOA140 y BNOA050, con vainas superiores a los 140 mm.

Con relación al número de semillas por vaina el valor más frecuente fue cinco semillas (59% de las accesiones). Este valor fue mayor al promedio observado en variedades locales del caribe (Durán *et al.*, 2005), en variedades madrileñas (Lázaro *et al.*, 2013) y en variedades locales argentinas caracterizadas en España (Santalla *et al.*, 2004). Sin embargo, al considerar el rango de variación, el mismo fue similar al obtenido por Menéndez-Sevillano (2002) en variedades locales del NOA y está incluido en el rango reportado por Meza-Linares (2014) en variedades locales de Honduras.

Al igual que lo observado en las poblaciones silvestres, el promedio de vainas totales por parcela y el rendimiento promedio por parcela presentaron una amplia variación entre las accesiones. Estas variaciones podrían deberse a diferencias en la adaptación del germoplasma al sitio de caracterización.

Los rangos de variación observados para la longitud, ancho y el grosor de la semilla fueron más amplios que los reportados por Menéndez-Sevillano (2002) en variedades locales del NOA y coincidieron con los valores observados por Santalla *et al.* (2004) en variedades locales argentinas caracterizadas en España. En este trabajo el 45% de las accesiones tuvieron una longitud de semilla mayor a 13 mm, destacándose 6 variedades locales (BNOA066, BNOA511, BNOA389, BNOA467, BNOA300 y BNOA050) por presentar semillas de gran longitud (> 16 mm).

La mayor parte del germoplasma evaluado tuvo semillas de forma elíptica (55%) y oblonga (39%), en coincidencia con lo observado en variedades locales de España y Honduras (Lázaro *et al.*, 2013; Meza-Linares, 2014). Además, se observaron cinco variedades con semillas esféricas (BNOA101, BNOA108, BNOA131, BNOA294 y BNOA326) entre las que podría encontrarse alguna variedad tipo ñuña (Tohme *et al.*, 1995), variedades andinas que se consumen como semillas tostadas ya que tienen la propiedad de reventar (*popping beans*). Estudios adicionales permitirían comprobar esta característica que podría ser de interés para promover su uso.

El 62% de las accesiones tuvo semillas grandes (peso de 100 semillas superior a 40 g), coincidiendo con lo reportado por De Ron *et al.* (2005) en 83 variedades locales del NOA, con lo observado por Santalla *et al.* (2004) en variedades locales argentinas caracterizadas en España y por Lázaro *et al.* (2013) en variedades locales de Madrid (España). Por otro lado, Meza Linares (2014) observó un peso de 100 semillas menor a 22 g en el 87% de las variedades locales de Honduras caracterizadas al igual que los mencionado por Gómez *et al.* (2004) en variedades locales de Nicaragua. Estas diferencias pueden explicarse considerando el origen del material evaluado, ya que el germoplasma de las entradas argentinas y las variedades locales de Madrid corresponderían al acervo Andino, que se caracteriza por tener semillas grandes y el

germoplasma de Honduras y Nicaragua estaría más relacionado con el acervo Mesoamericano, caracterizado por presentar semillas de menor tamaño. En este trabajo sólo tres variedades locales mostraron semillas pequeñas (BNOA320, BNOA295 y BNOA406), las que podrían estar relacionadas con razas mesoamericanas (Singh, 1991), pero este argumento podría descartarse teniendo en cuenta lo mencionado anteriormente para la forma y ángulo basal del folíolo.

Los rangos de variación de la longitud y ancho de las bractéolas de la flor también fueron similares a los observados por Santalla *et al.* (2004), a partir de 44 variedades locales de Argentina evaluadas en España y por De Ron *et al.* (2005) en 83 variedades locales del NOA. La mayor amplitud observada en este trabajo puede deberse al mayor número de accesiones evaluadas.

Todas las accesiones tuvieron bractéolas lanceoladas, con la excepción de BNOA594 que tuvo bractéolas orbiculares. La forma lanceolada es otra característica que relacionaría las variedades locales estudiadas con la forma andina, según Berglünd-Brücher y Brücher (1976), Vandeborgh (1983) y Singh *et al.* (1990; 1991a).

La caracterización agromorfológica permite cumplir con el objetivo preliminar de disponer de la descripción del germoplasma y de una estimación de la diversidad existente dentro de las accesiones analizadas.

Algunos de los caracteres evaluados en este trabajo son componentes del rendimiento o están relacionados con este (Evans y Walters, 1978; Gonzalez-Wallace, 1979; Patto-Ramalho, 1979; Gutiérrez, 1980) y otros, como los del ámbito floral, son de alta heredabilidad (Evans y Walters, 1978) por lo que la estimación de la variabilidad utilizando ambos tipos de caracteres es de gran utilidad para la mejora vegetal.

5.1.3 Comparación entre poblaciones silvestres y variedades locales

Son numerosos los trabajos de caracterización de judía que se han centrado en comparar el germoplasma en función de su origen genético Andino o Mesoamericano (Kwak, y Gepts, 2009; Gioia *et al.*, 2019; Savić, *et al.*, 2021; Bellucci *et al.*, 2023; De Souza *et al.*, 2023; Ambachew *et al.*, 2024). En este trabajo el enfoque utilizado fue diferente ya que todas las accesiones evaluadas pertenecen al centro de domesticación Andino y el objetivo principal se orientó a comprender la diversidad existente en las poblaciones silvestres y en las variedades locales caracterizadas y sus implicaciones para la conservación y el uso de este germoplasma asociado al ámbito andino.

Al comparar las poblaciones silvestres y las variedades locales no se observaron diferencias significativas en el inicio de floración y los días a madurez, lo que podría deberse a la fuerte susceptibilidad de estos caracteres a las condiciones de campo bajo las cuales los materiales fueron evaluados (Voyses y Dessert, 1991). La mayor amplitud en el rango observado en las variedades locales podría deberse a las diferentes respuestas adaptativas de los genotipos de distintos orígenes a las condiciones del sitio de caracterización. En relación a la madurez, si bien las variedades locales pueden haber estado sujetas a procesos de selección por los pobladores que tradicionalmente las han cultivado durante muchos años, el hábito de crecimiento indeterminado ha sido favorecido por las prácticas agrícolas ya que permite obtener mayores rendimientos y este carácter, a su vez, está vinculado con la mayor duración del ciclo (Berglünd-Brücher y Brücher, 1976).

Con relación a los caracteres de folíolo, se observaron diferencias significativas entre las poblaciones silvestres y las variedades locales en los caracteres longitud y ancho del foliolo central. Esto coincide con lo observado por Smartt (1988) quien mencionó que en general, en los cultivos domesticados, las partes explotadas por los humanos muestran gigantismo y un

sistema de ramificación menos profuso, con un número reducido de hojas, aunque con tallos más robustos necesarios para soportar hojas grandes y pesadas. Estas reducciones en el número de ramificaciones y de hojas pueden haber surgido como respuesta a presiones de selección para un hábito de crecimiento más manejable y adecuado a los sistemas de cultivo (Debouck, 1991) ya que se ha mencionado que los tipos indeterminados serían los menos preferidos por el coste de la mano de obra y la tecnificación requerida (Ploper *et al.*, 2024). La pérdida en el área foliar podría ser compensada, al menos en parte, por el incremento del tamaño de hojas y flores, como se encontró en poblaciones domesticadas argentinas (Santalla *et al.*, 2004; Galván *et al.*, 2010). El germoplasma con hojas grandes podría tener una ventaja relativa en hábitats con luz difusa, como las regiones de gran altitud de los Andes y zonas de clima oceánico de regiones templadas (Santalla *et al.*, 2004). La diferencia en el tamaño de la hoja entre la judía silvestre y la domesticada quizás sea producto de la selección para incrementar el tamaño de la semilla. Existe una correlación positiva entre el tamaño de la hoja y el de la semilla, por lo que una selección buscando semillas más grandes, probablemente haya causado pleiotrópicamente un incremento en el tamaño de la hoja (Gepts y Debouck, 1991).

Santalla *et al.* (2004) también mencionan que se observó gigantismo en variedades locales argentinas no sólo en las hojas sino también en las semillas y vainas, las que difieren de las judías silvestres en cuanto a tamaño, rango e intensidad de colores en las semillas y vainas. Esto sugeriría que las presiones de domesticación fueron originalmente diversas y no estuvieron orientadas a un solo uso, y que afectaron principalmente a las partes cosechadas, actuando sobre ciertos caracteres (de semillas, vainas y hojas) y concomitantemente a la calidad nutricional de las semillas. Estas observaciones coinciden con los resultados obtenidos en este trabajo ya que todas las variedades locales superaron significativamente los valores medios observados en las poblaciones silvestres en longitud, ancho y grosor de la semilla, peso de 100 semillas, longitud de vaina, ancho de vaina y grosor de vaina. Además, la mayoría de las variedades locales superaron el valor máximo del rango de variación de las poblaciones silvestres. Smartt (1988) menciona que el aumento del tamaño de la semilla tiene la consecuencia lógica de dar lugar al incremento del tamaño de la vaina, lo que también coincide con lo observado en este trabajo. Además, menciona que no habría una tendencia muy fuerte o consistente en las diferencias entre el número de semillas producidas en las vainas de las poblaciones silvestres y las variedades locales. Con respecto a esto, si bien se observaron diferencias significativas entre los promedios del número de granos por vainas para ambos grupos, los rangos obtenidos para las poblaciones silvestres y las variedades domesticadas fueron similares y se encuentran dentro de los valores mencionados por Gepts y Debouck (1991).

Con respecto al uso de las variedades locales, las características de la semilla deben ser tomadas como relevantes ya que probablemente fueron consideradas por los antiguos agricultores para seleccionar sus variedades, ya sea con fines estéticos (Burkart, 1955) o para alimentación. En ambos casos, probablemente hayan preferido las semillas grandes, lo que explicaría la presencia de semillas grandes y extra-grandes en algunas de las variedades evaluadas.

Si se considera el uso hortícola, los caracteres de vaina podrían considerarse más importantes que los de la semilla. Dado que se ha mencionado el uso de la judía como vaina verde o “chaucha” y fue reportado en otras áreas andinas (Beebe *et al.*, 1997), también se esperaría encontrar registros que indiquen altos valores hortícolas (De Ron *et al.*, 2005). Efectivamente, entre las variedades locales evaluadas, se observaron accesiones con longitudes de vaina superiores a los 140 mm (BNOA389, BNOA300, BNOA140 y BNOA050) y más de 13 mm de ancho (BNOA182, BNOA595, BNOA467, BNOA068, BNOA511 y BNOA389), que pueden considerarse como valores apropiados para su uso como chaucha o judía de verdeo.

La selección por parte de los agricultores para el consumo de las vainas frescas podría haber resultado en vainas más uniformes y grandes, pero sin afectar directamente a las características del grano seco, con excepción del tamaño que probablemente varía junto con el tamaño de la vaina, debido a que la calidad del grano no se tuvo en cuenta para un uso hortícola (De Ron *et al.*, 2005).

Smartt (1988) citando a Kaplan (1981) y a Singh y Gutierrez (1984) expone las consecuencias evolutivas del incremento del tamaño de semilla. De acuerdo con Kaplan (1981) el aumento del tamaño de la semilla tendría una desventaja selectiva ya que las semillas de mayor tamaño serían más propensas al ataque de gorgojos. En las especies silvestres de *Phaseolus* que tienen semillas de tamaño pequeño las larvas no pueden encontrar un suministro de alimentos adecuados para permitir su maduración. Sin embargo, también se ha mencionado que un aumento adicional en el tamaño de la semilla le permitiría aumentar la tolerancia al ataque de gorgojos, ya que la semilla podría retener viabilidad después del ataque de una o varias larvas. Por otro lado, los genotipos con semillas que tienen una gran cantidad de reservas no necesariamente serán más exitosos en el establecimiento de la planta después de la siembra, en comparación con los genotipos de semillas más pequeñas. Además, se ha mencionado la ocurrencia de latencia o dormición en las semillas de poblaciones silvestres, lo que retardaría su germinación, independientemente del tamaño de la semilla (De la Cuadra, 1992; García-Urióstegui, 2015). Otra desventaja de los genotipos de semillas grandes es que tienden a perder viabilidad durante el almacenamiento más rápidamente. Singh y Gutiérrez (1984) sugirieron que los genotipos de semillas grandes y pequeñas tienden a tener diferentes adaptaciones ecológicas óptimas. Los genotipos con semillas grandes se ven favorecidos en condiciones más frescas y en elevaciones más altas y los de semillas más pequeñas en condiciones más cálidas. Esto coincidió con lo observado en este trabajo cuando se calcularon las correlaciones parciales para las variables altitud, temperatura media del trimestre más frío y el peso de 100 semillas (Tabla XI del anexo). Smartt (1988) también menciona que el aumento del tamaño de la semilla conlleva ciertas penalizaciones que afectan la capacidad de rendimiento, ya que el tamaño de la semilla a menudo está inversamente correlacionado con el rendimiento. Adams (1967) y White e Izquierdo (1989), mencionan que, por el efecto de compensación entre los componentes del rendimiento, en las variedades locales, al aumentar las dimensiones de vaina y semillas en la planta, se reduce el número de frutos y de semillas por vaina.

En este trabajo el rendimiento se evaluó como el promedio del peso de grano producido por cada parcela, expresada en gramos y se observaron diferencias significativas entre ambos grupos ($p < 0,0001$), siendo mayor el rendimiento promedio por parcela en las variedades locales que en las poblaciones silvestres. No se evaluó el número de vainas por planta, pero sí el promedio de vainas totales para cada accesión y se observaron diferencias significativas entre ambos grupos ($p < 0,0001$). Esta fue la única variable en la que el valor medio para las poblaciones silvestres superó a las variedades locales, coincidiendo con lo indicado por Flores de la Cruz *et al.*, (2018). En las variedades locales no se observó correlación entre el rendimiento y el promedio de vainas totales, ni tampoco entre el rendimiento y el número de semillas por vaina. Sin embargo, se observó una correlación negativa altamente significativa ($r = -0,42$, $p = 0,00002$) entre el peso de 100 semillas y el número de semillas por vaina. Cuando se evaluó la correlación entre el rendimiento y el peso de 100 semillas esta fue positiva y moderada ($r = 0,46$, $p = 0,00$). En este sentido es importante mencionar que el rendimiento puede ser evaluado a partir de distintos componentes, como el número de vainas por planta, el número de semillas por vaina, el número de semillas por planta y el peso de 100 semillas. Las variedades locales, a pesar de tener menor número de vainas en promedio, tuvieron mayores rendimientos, en términos de peso del grano total obtenido, lo cual es esperable considerando

que estas accesiones presentaron semillas más grandes, con mayores valores para el peso de 100 semillas. Y si bien los rangos observados para el número de semillas por vaina fueron similares a los de las poblaciones silvestres, el promedio de las variedades locales fue menor y las diferencias significativas, coincidiendo con lo mencionado por Adams (1967) y White e Izquierdo (1989).

Los caracteres de flor mostraron diferencias significativas entre las poblaciones silvestres y las variedades locales en la longitud, ancho y número de nervaduras de las bractéolas. Las medidas registradas en este trabajo en las accesiones silvestres son cercanos a los valores indicados por Delgado-Salinas *et al.* (1988) en la forma silvestre andina de *P. vulgaris* y próximos a los observados en las variedades locales. Con respecto al número de nervaduras, los rangos observados fueron mayores al informado por Menéndez-Sevillano (2002) en poblaciones silvestres del NOA y a los valores mencionados por Berglünd-Brücher y Brücher (1976), Vanderborgh (1983), Brücher (1988) y Debouck (1991) en la forma silvestre andina de *P. vulgaris*. El límite superior del rango observado para el número de nervaduras de la bractéola en las poblaciones silvestres también fue mayor a los valores encontrados por Delgado-Salinas *et al.*, (1988) en las judías silvestres andinas y en las mesoamericanas. Sin embargo, considerando la forma de las bractéolas, que fueron lanceoladas en el 100% de las poblaciones silvestres y en el 99% de variedades locales evaluadas en este trabajo, las accesiones serían más cercanas a la forma andina de *P. vulgaris*.

Como resumen de la caracterización agromorfológica se puede concluir que existe una gran diversidad en el germoplasma estudiado, tanto en las poblaciones silvestres como en las variedades locales. La información obtenida permite ampliar los conocimientos sobre los atributos de las poblaciones de judías silvestres del NOA, las que representan un caso particular dentro del taxón debido al aislamiento ambiental en el que se encuentran (Aguilar *et al.*, 2004). Por otro lado, la variabilidad observada en las variedades locales manifestada a través de la amplitud de los rangos de los caracteres evaluados coincide con lo observado por Santalla *et al.* (2004), quienes mencionan que el acervo genético Andino en Argentina tiene una amplia base genética en función de la variabilidad morfológica y adaptativa. Los agricultores de la zona andina habrían sido selectores afanosos de plantas para generar dicha variabilidad. Las variedades locales argentinas de judía común presentan también varios tipos de faseolina y variación de aloenzimas (Santalla *et al.*, 2004; Galván *et al.*, 2010), lo que podría sugerir que la domesticación de estas judías ocurrió dentro de una estructura genética silvestre diversa. Por otro lado, Trucchi *et al.* (2021) mencionaron que el cultivo temprano de la judía fue muy eficiente ya que logró mantener su variabilidad genética como resultado del uso de un mayor número de semillas por parte de los primeros agricultores como fundadores en cada generación. Aparentemente, las plantas mostraban los rasgos fenotípicos seleccionados, pero eran heterogéneas en el resto del genoma. La mejora inicial de este cultivo habría sido asistida por intercambios e hibridación con plantas silvestres, lo que permitió que muchos rasgos fueran seleccionados sin una pérdida significativa de variación genómica, tal como sí ocurrió en tiempos más recientes.

Las variedades locales evidencian el “síndrome de la domesticación”, que se distingue por pérdida de la capacidad de dispersión y de la latencia de la semilla, arquitectura compacta de la planta, sincronía y precocidad de la floración, semillas de mayor tamaño y con mayor diversidad de colores, vainas más grandes y pérdida de pigmentación (antocianinas) y reducción del contenido de sustancias tóxicas de la cubierta seminal, disminuyendo la protección de las semillas frente a predadores, pero mejorando el sabor. Las investigaciones genéticas sobre este síndrome realizadas por Koinange *et al.* (1996) en *Phaseolus* indican que los rasgos vinculados a la domesticación son la manifestación de unos pocos genes con grandes efectos, los cuales se

concentran en tres de los 11 grupos de ligamiento que posee *P. vulgaris*.

5.1.3.1 Análisis multivariado de las poblaciones silvestres y de las variedades locales

Los análisis de ordenamiento y agrupamiento permitieron discriminar a las accesiones evaluadas en dos grandes grupos, correspondientes a las poblaciones silvestres y a las variedades locales, identificando algunas accesiones con atributos intermedios.

Las características observadas en cada grupo coincidieron con lo mencionado por Berglünd-Brücher y Brücher (1976), Smartt (1988), Gepts y Debouck (1991), Singh *et al.* (1991a) y Santalla *et al.* (2004), caracterizándose el grupo silvestre por presentar vainas y semillas más cortas, menos anchas y gruesas y semillas más pequeñas, en función del peso de 100 semillas. Se observó además una amplia variabilidad en cuanto a la duración del ciclo (inicio de floración y madurez), el promedio de vainas totales y rendimiento, coincidiendo con lo observado en los análisis univariados.

Se pudo apreciar tanto en el ACP como en el dendrograma que la mayor variabilidad en las variables analizadas correspondió al grupo de las variedades locales. Las variedades evaluadas son mezclas de poblaciones que han sido mantenidas en forma masal a través de los años por los agricultores locales, las que se denominan también complejos landraces (De Ron *et al.*, 2004) y tradicionalmente se han sembrado, conservado y comercializado como mezclas que pueden ser separadas en diferentes tipos según el color y el patrón de la semilla (Kaplan, 1981; Freyre *et al.*, 1996). Estos complejos landraces constituyen un recurso de un innegable interés, ya que, de acuerdo con Esquinas-Álcazar (1983) la diversidad morfológica que exhiben encierra, probablemente, una variabilidad genética aún mayor, por lo que sería un recurso genético de muy alto valor genético que no ha sido utilizado en programas de mejoramiento (Acosta-Gallegos *et al.*, 2007). Estos resultados coinciden con lo observado por De Ron *et al.* (2005), quienes empleando caracteres morfológicos analizaron más de 40 accesiones domesticadas de judías de Salta y Jujuy y observaron una dispersión de la diversidad a lo largo y ancho del NOA con patrones de variación que se repiten en las diferentes zonas. En esta zona, la geografía consiste en valles separados por montañas de 2500 a 6000 msnm lo que estaría limitando la comunicación entre los sitios. Por lo tanto, es posible que el proceso de selección y adaptación posterior a la domesticación haya ocurrido en forma simultánea e independiente (alopátrica) en los diferentes lugares aislados geográficamente, conduciendo a la diversidad morfológica observada.

Dentro de la gran diversidad de la judía, además de las formas silvestres y cultivadas, se ha mencionado la existencia de un grupo intermedio llamado “weedy form” o “weedy type” frecuentemente denominado como judía tipo maleza, producto de la cruce entre silvestres y variedades domesticadas. Estos “weedy type” y otros individuos espontáneos intermedios han sido frecuentemente observados en los márgenes de los campos de cultivo de judía en Centroamérica y Sudamérica, donde ocurren en simpatria (Delgado-Salinas *et al.*, 1988; Debouck *et al.*, 1989; Beebe *et al.*, 1997; Lentini *et al.*, 2006). En este trabajo se identificaron accesiones con características intermedias entre los dos grupos principales observados. Estas fueron BNOA468, clasificada como silvestre *a priori* y BNOA037, BNOA093, BNOA403 y BNOA198, clasificadas como variedades locales. Las accesiones BNOA468, BNOA093 y BNOA198 tienen distintas procedencias, correspondiendo a Tucumán la primera y las dos últimas a Santa Victoria, provincia de Salta. Las tres se caracterizaron por su precocidad en el inicio de la floración y por presentar un elevado número de vainas y un buen rendimiento. BNOA198 se diferenció además por su precocidad en alcanzar la madurez (108 días), por tener foliolos y vainas largas y un rendimiento que superó al promedio observado para las variedades

locales. Estas características convierten a estas accesiones en materiales promisorios que podrían ser incluidos en programas de mejoramiento.

Las cinco accesiones tuvieron valores intermedios a los promedios observados en el grupo silvestre y el de las variedades locales. BNOA468 se agrupó próxima a las accesiones silvestres por presentar valores en los caracteres de vainas y semillas más cercanos al promedio del grupo silvestre, un elevado promedio de vainas y un peso de 100 semillas bajo (12,04 g). BNOA093 y BNOA198 tuvieron valores altos en longitud de vaina y semilla y un peso de 100 semillas correspondiente a semillas de tamaño mediano, motivo por el cual se ubicaron más próximas al grupo de las variedades locales en el ACP mientras que en el dendrograma se agruparon a mayor distancia por fuera de los grupos principales.

BNOA037 y BNOA403 fueron clasificadas por su morfología como variedades locales, pero se agruparon más próximas a las poblaciones silvestres, lo que puede deberse a que tuvieron valores bajos en los caracteres de vaina y semillas, pero valores intermedios a altos en la longitud del folíolo y altos pesos de 100 semillas. Además, presentaron bajo rendimiento y un bajo promedio de vainas totales. Los bajos rendimientos observados pueden deberse a problemas de adaptación de estas accesiones al sitio de caracterización. Si bien el tamaño promedio de sus vainas y semillas fueron más cercanos al promedio de las poblaciones silvestres, tuvieron valores altos para el peso de 100 semillas. Esto puede deberse a que ambas accesiones proceden de Santa Victoria Oeste, más precisamente de Arazay y Los Toldos, y se ha mencionado que en esta zona pueden encontrarse creciendo en forma simpátrica variedades locales y judías silvestres que los pobladores “bajan” del cercano Parque Nacional de Baritú, como también genotipos con características intermedias que son reconocidos por los agricultores lugareños. Ellos expresan que “al traer el poroto zorro (uno de los nombres que le dan a la forma silvestre de la judía) de Baritú a Los Toldos, se engorda” (Menéndez-Sevillano, 2002). De este modo la intervención del ser humano estaría favoreciendo el flujo de genes desde las poblaciones silvestres hacia las variedades locales, dando lugar a un incremento de la variabilidad genética en algunas variedades de judías domesticadas (Galván, 2006).

Cuando se analizó el agrupamiento obtenido en función de las ecorregiones a las que corresponden las accesiones evaluadas no se pudo observar una asociación clara. Gepts y Debouck (1991) mencionan que la domesticación en la judía ha llevado a un incremento de la amplitud de la adaptación ecológica y que la forma domesticada de esta especie tiene un ciclo biológico que puede variar desde 85 a 270 días, en función del hábito de crecimiento, del clima de la región y de la época de siembra. La judía se cultiva desde Argentina hasta Canadá y desde el nivel del mar hasta los 3200 msnm (Gepts y Debouck, 1991). Quizás por esta razón no fue posible encontrar una asociación clara entre los caracteres ambientales y las características agromorfológicas evaluadas. Por otro lado, se observó que solo hubo poblaciones silvestres procedentes de la ecorregión Chaco Seco y solo variedades locales procedentes de la ecorregión Altos Andes. La ausencia de variedades locales en la ecorregión Chaco Seco podría deberse a cambios en las costumbres de los pobladores, lo que habría llevado a que dejaran de cultivarlas. Sin embargo, es necesario realizar estudios adicionales para comprobar esta hipótesis. Y, en la ecorregión Altos Andes, la ausencia de poblaciones silvestres podría deberse a que las condiciones ambientales de esta ecorregión no son adecuadas para el crecimiento natural de la especie, entre las que pueden mencionarse la baja disponibilidad de agua superficial, las bajas precipitaciones anuales y las bajas temperaturas medias mensuales. Las planificaciones de nuevas colectas en zonas correspondientes a los Altos Andes permitirán corroborar este supuesto o en su defecto, incorporar nuevas accesiones silvestres, adaptadas a las condiciones presentes en esta ecorregión.

Como resumen de la caracterización agromorfológica, se puede concluir que existe una gran diversidad en el germoplasma evaluado, tanto en las poblaciones silvestres como en las variedades locales. Esta caracterización permitió identificar también tipos intermedios que podrían corresponder a genotipos resultantes de la hibridación entre las poblaciones silvestres y variedades locales.

5.2 CARACTERIZACIÓN GENOTÍPICA

5.2.1 Diversidad genética

Un total de 115 individuos, 68 silvestres y 47 de variedades locales, fueron analizados con 11 marcadores microsatélites distribuidos a lo largo del genoma de *P. vulgaris*. El tamaño de los alelos observados coincidió en todos los casos con los tamaños esperados mencionados por Yu *et al.* (2000), Gaitán-Solís *et al.* (2002), Blair *et al.* (2003) y Hanai *et al.* (2010). Los nueve marcadores que resultaron polimórficos también fueron reportados como polimórficos e informativos en trabajos previos (Yu *et al.*, 2000; Gaitán-Solís *et al.*, 2002; Blair *et al.*, 2003; 2006; Kwak y Gepts, 2009; Burle *et al.*, 2010; Hanai *et al.*, 2010; Ávila *et al.*, 2012; McClean *et al.*, 2012; Ekbiç y Hasancaoğlu, 2019; Gioia *et al.*, 2019). Los loci más polimórficos fueron BM53, BM172 y GATS91 y BM210. Si bien estos loci proporcionaron gran cantidad de información, el número de alelos obtenido fue menor a los encontrados en otros trabajos realizados con germoplasma silvestre y cultivado de los acervos Andino y Mesoamericano (Gaitán-Solís *et al.* 2002), con accesiones de diferentes acervos y razas de Latinoamérica, Europa, África y Asia (Kwak y Gepts, 2009), con variedades locales de Brasil (Burle *et al.*, 2010) y con variedades locales de Honduras (Meza-Linares, 2014).

Sin embargo, Coelho *et al.* (2009) analizando accesiones locales del norte de Portugal observaron que los loci BM53, GATS91 y BM210 fueron los más polimórficos y los que proporcionaban más información, coincidiendo con los resultados de este trabajo.

A pesar de las diferencias observadas entre el número de alelos observados en este trabajo y los descritos por Gaitán-Solís *et al.* (2002), Kwak y Gepts (2009), Burle *et al.* (2010) y Meza-Linares (2014), que pueden atribuirse a la diferencia en el número de individuos analizado, el origen del germoplasma y/o la técnica empleada para la detección de los microsatélites, existe concordancia en que los marcadores GATS91, BM53, BM172 y BM210 son polimórficos en *P. vulgaris* y resultan informativos en el análisis de germoplasma silvestre y de variedades locales, tanto del acervo Andino como Mesoamericano.

Considerando el índice de contenido polimórfico el marcador más informativo fue GATS91, con un valor PIC = 0,71, coincidiendo con lo observado por otros autores (Gómez *et al.*, 2004; Blair *et al.*, 2009; Díaz-Martínez *et al.*, 2011; Blair *et al.*, 2013; Meza-Linares, 2014; Gioia *et al.*, 2019; Pipan y Meglič, 2019). Esto indicaría que el marcador GATS91, además de ser uno de los microsatélites más utilizados, resulta muy eficiente en la detección de la diversidad genética en judía.

Con relación a los valores generales para los nueve loci polimórficos, el número medio de alelos observado fue 3,9. Este valor es similar al señalado en variedades locales por Coelho *et al.* (2009) y por Santalla *et al.* (2010). Otros autores obtuvieron promedios un poco más altos en variedades locales de Nicaragua (Gómez *et al.*, 2004) y genotipos silvestres y cultivados de *P. vulgaris* de los acervos Andino y Mesoamericano (Gaitán-Solís *et al.*, 2002)

De acuerdo con Santalla *et al.* (2010) en especies autógamas, como el polimorfismo se mantiene típicamente entre accesiones, la diversidad genética estimada es una función del tamaño de la muestra. Por ello, cuando se evalúan colecciones amplias, con más de 100 accesiones, el número de alelos por locus polimórfico informado supera comúnmente los 10 alelos, en cultivos autógamos como el trigo, el arroz y la soja (Huang *et al.*, 2002; Xu *et al.*,

2005; Wang *et al.*, 2006) y tal como indicaron Blair *et al.* (2012) en 104 genotipos silvestres y 606 genotipos cultivados de judía. Estos valores no coinciden con lo observado en este trabajo ni con lo señalado por otros autores como Zhang *et al.* (2008) en un estudio con 229 variedades locales de China caracterizadas con marcadores SSR, Burle *et al.* (2010) en la evaluación de 279 variedades locales de Brasil y Becerra *et al.* (2010) en el análisis de 237 variedades locales de Chile. Santalla *et al.* (2010) mencionan que estas comparaciones deben ser realizadas con precaución, debido a que los resultados pueden verse afectados tanto por el tamaño de la muestra como por los microsatélites seleccionados para el análisis. Además, el número de alelos detectados por loci puede variar según la metodología empleada para la detección de los microsatélites (electroforesis capilar con marcaje fluorescente, tinción con plata, entre otras) y también puede depender del tipo de germoplasma evaluado, es decir si se trata de judías silvestres, variedades locales o ambos.

Los cuatro microsatélites que resultaron más polimórficos e informativos para este trabajo son marcadores genómicos, es decir que se ubican en regiones no codificantes del genoma. Se ha observado de manera general que los microsatélites genómicos suelen presentar valores mayores tanto en el número de alelos como en el contenido de información polimórfica (PIC) que los microsatélites génicos (localizados en una región codificante), ya que estos últimos tienden a estar más conservados (Blair *et al.*, 2012). Esto se ha reportado también en otras especies cultivadas como arroz y sorgo (Cho *et al.*, 2000; Schloss *et al.*, 2002).

Con respecto a los valores de heterocigosidad, sólo se observó un individuo heterocigoto en el locus BM172, lo que sería lo esperado en una especie esencialmente autógama, con muy poca frecuencia de polinización cruzada (Bliss, 1980; Chaves-Barrantes *et al.*, 2014).

Considerando los nueve loci analizados conjuntamente se diferenciaron 106 combinaciones de alelos o genotipos multilocus, permitiendo diferenciar el 92% de los individuos, lo que pone de manifiesto tanto la diversidad genética en la colección de accesiones evaluada, como también la capacidad discriminante de los marcadores utilizados.

En este trabajo se identificaron alelos únicos o privados en nueve de los 115 individuos, cinco silvestres y cuatro de variedades locales. La existencia de un número relevante de alelos únicos o privados contribuye de forma importante a que se detecte una mayor diversidad genética (Blair *et al.*, 2009; De La Fuente *et al.*, 2013), al igual que facilita la identificación y diferenciación de las accesiones estudiadas (Gómez *et al.*, 2004; Ávila *et al.*, 2012; Meza-Linares, 2014; Šajgalík *et al.*, 2019) y contribuyen al enriquecimiento de las colecciones de recursos genéticos (Jomova y Kraic, 2009).

5.2.2 Comparación de germoplasma silvestre y variedades locales

Cuando se comparó el grupo de poblaciones silvestres y las variedades locales no se encontraron diferencias en el número medio de alelos ni en el índice de información de Shannon. A diferencia de lo observado en los caracteres morfológicos, esto indicaría que la diversidad genética fue similar en ambos grupos. Si bien podría esperarse que las poblaciones silvestres tuvieran un mayor nivel de diversidad que las variedades locales se ha mencionado que el acervo genético Andino presenta una menor diversidad genética que el acervo Mesoamericano (Koenig y Gepts 1989; Beebe *et al.*, 2000, Papa y Gepts 2003; McClean *et al.*, 2004). Además, si bien las variedades locales derivarían de las poblaciones silvestres, ambas formas (silvestre y domesticada) presentan diferencias muy marcadas en cuanto a vainas, hojas y tipos, rango de tamaños e intensidad de colores de granos, reflejando que la presión de selección fue originalmente diversa y no orientada a un solo uso (Santalla *et al.*, 2004), lo que permitiría explicar el nivel de diversidad observado. Además, a partir de estudios genómicos con ADN antiguo de judías, y a diferencia de la idea comúnmente aceptada de que la

domesticación es un proceso gradual de selección de rasgos deseados que implica la pérdida de diversidad genética, Trucchi *et al.* (2021) mencionan que la selección de rasgos deseables y la pérdida de variación estuvieron desacoplados durante el proceso de domesticación en la agricultura temprana de judías en los Andes, lo que habría preservado la diversidad genética de las semillas.

La diversidad de las poblaciones silvestres y variedades locales del NOA observada en este trabajo es coincidente con estudios previos realizados en caracteres morfológicos (Menéndez-Sevillano, 2002; De Ron *et al.*, 2005) y moleculares (Galván, 2006, Galván *et al.*, 2010) que determinaron la existencia de gran variabilidad en este germoplasma.

Por otro lado, De la Fuente *et al.* (2013) señalan que las variedades locales argentinas presentan una variación genética sustancial con un considerable número de haplotipos únicos y alelos privados. La presencia de alelos únicos, las distintas combinaciones alélicas observadas y la diferencia en las frecuencias alélicas en cada uno de los grupos avalan el hecho de que la conservación de ambos tipos de germoplasma en la colección es beneficiosa ya que permite disponer de diferentes variantes para incrementar la diversidad genética de la judía y para su inclusión en programas de mejora.

Tanto el análisis Bayesiano como el análisis de coordenadas principales y los análisis de clusters (UPGMA y NJ) permitieron diferenciar dos grupos correspondientes a las poblaciones silvestres y variedades locales, coincidiendo con lo observado a partir del análisis multivariado realizado en base a los caracteres agromorfológicos. El AMOVA mostró diferencias significativas entre ambos grupos y una gran variabilidad entre accesiones dentro de cada grupo (74% de la variación), coincidiendo con lo observado en los resultados de los análisis de agrupamiento y de coordenadas principales. Gill-Langarica *et al.* (2011) también observaron una mayor variabilidad entre poblaciones al evaluar 200 accesiones de México, utilizando microsatélites. El valor ϕ_{st} obtenido fue significativo y mayor al observado por Ávila *et al.* (2012) al comparar el agrupamiento silvestre vs domesticado de 174 entradas de Bolivia, correspondientes al acervo Andino y al reportado por Galván (2006) en la evaluación de 57 individuos silvestres y domesticados del NOA utilizando marcadores ISSR.

En el análisis de la estructura genética se siguió el criterio establecido por Kwak *et al.* (2009), Burle *et al.* (2010) y Santalla *et al.* (2010) para la asignación de los individuos clasificados como silvestres o variedades locales y se observó que fue congruente en la mayoría de los casos con lo observado a partir de los datos morfológicos, con la excepción de diez individuos que presentaron cierto grado de mezcla entre ambos grupos y fueron considerados híbridos. Entre ellos se destaca BNOA403, que fue el único caso clasificado como híbrido que también se posicionó como intermedio entre los grupos silvestre y las variedades locales en el ACP realizado con los datos morfoagronómicos. La diferenciación en dos grupos también fue corroborada en función del valor α (grado de mezcla) inferido a partir del análisis de los datos con el programa STRUCTURE ($\alpha = 0,1031$). Un valor pequeño de α implica que la mayoría de los individuos pertenecen esencialmente a uno o a otro grupo, mientras que $\alpha > 1$ implica que la mayoría de los individuos son híbridos o mezcla (*admixed*) (Pritchard *et al.*, 2010).

Considerando un criterio de asignación menos estricto ($Q > 0,70$) y teniendo en cuenta la similitud observada en los análisis de cluster y los caracteres morfológicos evaluados, cinco de los diez genotipos híbridos podrían clasificarse como silvestres o variedades locales. En este sentido, los individuos BNOA230, BNOA564 y BNOA580 podrían considerarse en el grupo silvestre, y los genotipos BNOA108 y BNOA302 en el grupo de variedades locales.

Otros de los genotipos clasificados como híbridos entre ambos grupos fueron BNOA285, BNOA403 y BNOA594, originarios de Santa Victoria Oeste y Molinos, los que, a pesar de tener características morfológicas coincidentes con las variedades locales, de acuerdo con la

probabilidad de asignación ($Q \geq 0,60$) estuvieron más próximos al grupo de poblaciones silvestres. Los individuos procedentes de Santa Victoria podrían corresponder a poblaciones que surgieron a partir del cruzamiento entre judías silvestres y cultivadas, tal como fuera observado principalmente en la zona andina de Bolivia, Perú, Colombia y Argentina y como se mencionó anteriormente (Debouck *et al.*, 1989; Freyre *et al.*, 1996; Beebe *et al.*, 1997; Menéndez-Sevillano, 2002; Santalla *et al.*, 2004; Hoc *et al.*, 2006). Y para el caso proveniente de Molinos, es importante señalar que este material se obtuvo a partir de una feria de intercambio de semillas y sus donantes manifestaron que el mismo, si bien había sido cultivado en el sitio mencionado, se había obtenido a partir del intercambio con otros agricultores de la zona de Santa Victoria Oeste. El individuo BNOA563 también fue clasificado como híbrido, pero según la probabilidad de asignación ($Q \geq 0,60$) estuvo más cercano al grupo silvestre, coincidiendo con las características morfológicas observadas.

En siete individuos la asignación morfológica no coincidió con la molecular. Los individuos correspondientes a BNOA572, BNOA574 y BNOA583 fueron clasificados como silvestres por sus características morfológicas y de acuerdo con los análisis moleculares fueron asignados al grupo de variedades locales. Estas accesiones proceden del departamento Anta y fueron colectadas en inmediaciones y dentro del Parque Nacional El Rey. Esta área protegida fue creada en 1948 y estuvo ocupada desde tiempos remotos por grupos indígenas agricultores, por lo que es posible que hayan existido cruzamientos entre las poblaciones silvestres que crecen en la zona y variedades locales domesticadas que hayan sido cultivadas tradicionalmente por estos grupos o sus descendientes. El individuo de BNOA575 también fue colectado en el Parque Nacional El Rey y fue clasificado como híbrido, aun cuando presenta características morfológicas silvestres. Este se agrupó próximo a BNOA002, correspondiente a una variedad local de Iruya, sugiriendo también la posibilidad de que haya estado sujeto a cruzamientos con variedades locales.

La situación contraria ocurrió con los individuos de las accesiones BNOA037, BNOA198, BNOA337 y BNOA511 con características morfológicas de variedades locales y que, de acuerdo con los resultados obtenidos por el análisis molecular, fueron asignados al grupo silvestre. Para BNOA037 este resultado coincide con lo observado a partir del análisis agromorfológico, en el que esta accesión, si bien se ubicó como intermedia entre ambos tipos, se agrupó más próxima a las accesiones silvestres. Para los restantes individuos de variedades locales lo observado quizás podría explicarse a partir del lugar de procedencia de las accesiones, debido a que BNOA198 y BNOA337 proceden de Santa Victoria Oeste, donde como ya se mencionó previamente se ha postulado la posible ocurrencia de cruzamientos entre las judías silvestres y variedades locales. Para BNOA511, que fue colectada en Santa María, Catamarca, se hace necesario profundizar sobre el origen de la accesión, ya que puede haber sido adquirida a través de ferias de intercambio de semillas o proceder de un sitio de cultivo cercano a ambientes donde crecen naturalmente poblaciones silvestres. Se precisa de estudios posteriores para confirmar si efectivamente estas accesiones corresponden al grupo silvestre o a variedades locales.

Se observó una subdivisión significativa entre las poblaciones silvestres y variedades locales y dentro de las ecorregiones. No hubo diferenciación significativa entre ecorregiones dentro de los grupos y la mayor variación se observó a nivel de individuos dentro de las ecorregiones (74%). En las ecorregiones Altos Andes y Montes de Sierras y Bolsones solo se encontraron durante las colectas realizadas variedades locales, lo que sugeriría que sus características ambientales sólo son adecuadas para el cultivo de germoplasma domesticado. Con respecto a la ecorregión Chaco Seco, todas las accesiones evaluadas en este trabajo procedentes de dicha ecorregión son poblaciones silvestres. Sin embargo, esta ecorregión

coincide con zonas de producción extensiva de variedades mejoradas de judía, por lo que las poblaciones silvestres de esta ecorregión podrían constituir un material valioso, adaptado a las condiciones de esta zona de producción, para la exploración de variantes génicas de interés para la mejora del cultivo. Mumba y Galwey (1998) mencionan que el aislamiento ecogeográfico de algunas poblaciones habría conducido al mantenimiento de genotipos y morfologías distintivas de cada área. A pesar de este relativo aislamiento, cierto grado de fecundación cruzada sumado al flujo génico entre poblaciones cercanas podría haber mantenido la variabilidad intrapoblacional observada en las poblaciones de judías del NOA, ya que a pesar de la supuesta autogamia estricta de *Phaseolus vulgaris*, hay evidencias de que tanto en judías domesticadas como silvestres existe una gran variabilidad en el sistema reproductivo que permite el intercambio genético entre poblaciones y además estaría influenciado por las condiciones ecológicas (Ibarra-Pérez *et al.*, 1997; Hoc *et al.*, 2001). Según Beebe *et al.* (1997) las tasas más bajas de fecundación cruzada encontradas son suficientes para generar amplia variabilidad genética a lo largo de cientos o miles de años. Esto podría explicar porque no fue posible observar diferencias entre las poblaciones silvestres y las variedades locales simpátricas de la ecorregión Yungas.

A pesar de que los individuos de la ecorregión de Yungas exhibieron una tendencia al agrupamiento, el análisis general no reveló un agrupamiento claramente definido por ecorregión de procedencia. Es importante señalar que el concepto de ecorregión considera los macrocomponentes biofísicos (Burkart *et al.*, 1999), representando un territorio de máxima jerarquía, definido geográficamente y caracterizado por atributos específicos de relieve, geología, grandes grupos de suelos, procesos geomorfológicos, tipos de vegetación y complejos faunísticos predominantes (Morello *et al.*, 2012). Dentro de estas macroregiones, se pueden identificar áreas con características climáticas y edáficas más concretas, y esta variación microambiental podría influir en las adaptaciones particulares de las poblaciones (Breese y Tyler, 1986; Alonso, 1992). La falta de agrupamiento de los individuos según su ecorregión de origen podría deberse a la ausencia de variantes específicas para una ecorregión particular, o a que los marcadores aplicados en este estudio no permitieron identificar dichas variantes. A pesar de que las accesiones provenientes de ambientes similares podrían parecer más afines desde el aspecto genético, es posible que las mismas no contengan únicamente genotipos preadaptados, sino que también presenten una amplia diversidad que les brinde cierta plasticidad para responder de manera diferencial a diversas condiciones ambientales. Sería recomendable aumentar la cantidad y el tipo de marcadores moleculares empleados para la caracterización molecular de las poblaciones y variedades de *P. vulgaris*, así como también el número de individuos analizados por accesión, para incrementar la posibilidad de identificar alelos o genotipos asociados con adaptaciones específicas a determinados ambientes.

Los resultados de la caracterización molecular permiten sugerir que las accesiones evaluadas en este trabajo contienen una importante diversidad genética, lo que remarca la necesidad de continuar caracterizando este germoplasma y la importancia de su conservación.

La aplicación de las tecnologías de marcadores de ADN a la caracterización del germoplasma ha contribuido a mejorar el uso de colecciones de germoplasma para el descubrimiento de genes y la transferencia de rasgos de interés, a partir de la creación de subcolecciones que reúnen una diversidad genética óptima. La evolución de las tecnologías de secuenciación actualmente permite genotipar grandes colecciones de manera rentable, automatizada y precisa. La aplicación de estas nuevas tecnológicas para obtener más información de la diversidad genotípica contenida en estas accesiones, en combinación con datos fenotípicos sería de gran utilidad para guiar los esfuerzos de selección, conservación y manejo de este germoplasma (Yu *et al.*, 2016; Schulthess *et al.*, 2022).

5.3 CARACTERIZACIÓN ECOGEOGRÁFICA

Los mapas de caracterización ecogeográfica (ELC) demostraron ser una herramienta útil en estudios de biodiversidad realizados por Parra-Quijano *et al.* (2008; 2012a; 2012b; 2012c) y Meza-Linares (2014). Además, pueden tener múltiples aplicaciones en la conservación de los recursos fitogenéticos, incluida la selección de regiones objetivo donde la variabilidad ecogeográfica justifica los esfuerzos de conservación *in situ*, el establecimiento de colecciones de germoplasma con la mínima redundancia ecogeográfica, la evaluación de la representatividad ecogeográfica en colecciones de germoplasma (Marinoni *et al.*, 2015) y la detección de vacíos de colecta, el establecimiento de colecciones núcleo, la selección de los sitios más adecuados (desde el punto de vista ecogeográfico y adaptativo) para realizar la multiplicación o regeneración de germoplasma y mejorar el uso de los recursos fitogenéticos al ofrecer a los mejoradores información clave sobre la adaptación del germoplasma (Parra-Quijano *et al.*, 2012a). Además, en fitomejora se ha utilizado la información ecogeográfica de los sitios de recolección como guía para detectar genes o genotipos resistentes o tolerantes a estrés biótico o abiótico, a partir de colecciones de germoplasma.

En este trabajo se analizaron 16 variables ecogeográficas (cinco bioclimáticas, cuatro geofísicas y siete edáficas) considerando que pueden asociarse a la distribución de las poblaciones de *P. vulgaris* en el noroeste argentino con las que se obtuvieron 22 categorías ecogeográficas distintas para la Argentina. Se han utilizado los tres tipos de variables ambientales para construir mapas ecogeográficos (variables bioclimáticas: Allard, 1996; Pérez de la Vega, 1996; Ceballos-Silva y López-Blanco, 2003; Ferguson *et al.*, 2005; variables edáficas: Marchand, 1973; Lobo *et al.*, 2001; Ceballos-Silva y López-Blanco, 2003; Jarvis *et al.*, 2005 y variables geofísicas: Lobo *et al.*, 2001; Ceballos-Silva y López-Blanco, 2003; Wang *et al.*, 2003; Nichols *et al.*, 2009).

Los mapas ELC ofrecen una estrategia objetiva y reproducible para definir categorías útiles que permiten establecer los rangos adaptativos para las especies vegetales (Parra-Quijano *et al.*, 2012a). El uso de variables abióticas y el criterio objetivo para la determinación del número final de grupos ambientales, es decir, de categorías ecogeográficas, permite obtener mapas ELC confiables, a pesar del gran tamaño del área de estudio, dejando la selección de variables relacionadas con la adaptación de la especie abierta a la subjetividad (Parra-Quijano *et al.*, 2012a). Los resultados del análisis de representatividad utilizando el enfoque ELC pueden ser sensibles a las variaciones en algunos parámetros, como la escala, las variables ecogeográficas o la resolución del mapa de salida. En este sentido, el aporte de expertos puede resultar de mucha utilidad ya que sus conocimientos pueden ser un buen respaldo para la selección de las variables ecogeográficas a utilizar, sobre todo para la elaboración de mapas especializados para propósitos específicos, como en este trabajo.

Las accesiones evaluadas se distribuyeron, según los sitios de recolección, en 8 de las 22 categorías establecidas, mientras que el 98% de las accesiones se distribuyeron solo en cuatro de ellas: las categorías 1, 2, 14 y 17, siendo solo esta última una de las más frecuentes obtenidas a partir del mapa ELC de Argentina. Pudo observarse que en la categoría 1 se distribuyeron principalmente las variedades locales, mientras que en la categoría 2 se observaron principalmente poblaciones silvestres. Considerando que por lo general en el noroeste argentino los sitios donde crecen naturalmente las judías silvestres no son los mismos en donde tradicionalmente se han cultivado las variedades locales, (con la excepción de sitios como Los Toldos, Arazay, El Condado, en el departamento de Santa Victoria Oeste, como se mencionó anteriormente) podría esperarse que las condiciones más adecuadas para el crecimiento de la especie difieran de las condiciones más adecuadas para el cultivo. De acuerdo con los resultados

obtenidos se podría inferir que las variedades locales pueden ser cultivadas, en el noroeste argentino, en sitios más secos (con menor precipitación anual, menor precipitación en el trimestre más frío y en el trimestre más seco), más elevados, en suelos con menor contenido de arcilla, con mayor contenido de arena superficial, menor contenido de limo y mayor pH en suelo superficial, en comparación con los sitios donde crece naturalmente la forma silvestre de judía. Y con respecto al crecimiento de la especie en general, se puede observar que la forma silvestre y la cultivada serían sensibles a la salinidad tanto en suelo superficial como en capas más profundas, coincidiendo con lo que se ha observado para las variedades mejoradas (Gutiérrez-Rodríguez *et al.*, 2005; Gama *et al.*, 2007; Can-chulim *et al.*, 2017). Los rangos observados para las distintas variables ambientales de las ocho categorías establecidas serían de gran utilidad para seleccionar genotipos candidatos para la evaluación de caracteres útiles para la mejora. En este sentido, las variedades locales que se colectaron en sitios incluidos en la categoría 1 serían de interés ya que esta categoría se caracterizó por presentar los valores medios de precipitación anual y del trimestre más seco más bajos (202 mm y 15 mm). Además, la variedad local BNOA 065 se colectó en un sitio caracterizado por la temperatura media del trimestre más frío más baja y la variedad local BNOA 511 en un sitio con precipitación anual baja, una temperatura media del trimestre más frío intermedia y una altitud media de 570 msnm.

Una de las ventajas del uso de los mapas ELC es que permite evitar la colección de accesiones de escenarios adaptativos similares, lo que podría implicar sobrerrepresentar genes comunes, especialmente si se compara con el uso de modelos de distribución de especies utilizados para el mismo propósito (Marinoni *et al.*, 2015). Estos modelos predicen hábitats potencialmente adecuados para la ocurrencia de especies (Pearson, 2007), llevando a que las colectas se realicen en los ambientes que prefiere la especie objetivo, los cuales generalmente ya se encuentran bien representados en las colecciones de germoplasma ya establecidas. En cambio, los mapas ELC, al determinar la variación ambiental natural de la especie, permiten orientar las colectas de tal forma que incrementen el número de accesiones presentes en sitios con características ambientales diferentes, disminuyendo la redundancia de las colecciones.

Con respecto a las categorías donde se encontraron solo una o dos accesiones (Categorías 6,9, 10 y 14) en tres de ellas solo se encontraron poblaciones silvestres (6,10 y 14) y en la restante solo se observó una variedad local. Esta información es relevante para poder planificar nuevas expediciones de colecta con el objetivo de aumentar la representatividad de las accesiones correspondientes a estas categorías y para confirmar si estas categorías presentan características exclusivas para la ocurrencia de cada grupo.

Por otro lado, contrastar los mapas ELC con los mapas existentes de las ecorregiones (los que generalmente no están enfocados a especies particulares) puede proporcionar un apoyo adicional al análisis de la representatividad ecogeográfica. En este caso, la zona de alta frecuencia de ocurrencia de la especie, localizadas en el centro (departamentos de Rosario de Lerma y Chicoana) y norte de la provincia de Salta (departamentos Iruya y Santa Victoria Oeste) coincide con las ecorregiones reconocidas como nichos para *P. vulgaris* (Cabrera, 1976).

Los mapas de diversidad ecogeográfica facilitan la detección de vacíos en las colecciones de germoplasma y la selección de los lugares más adecuados desde un punto de vista ecogeográfico y adaptativo para la especie (Parra-Quijano *et al.*, 2012a). En este sentido, los mapas de diversidad obtenidos mostraron varias zonas con diversidad ecogeográfica media y alta, algunas de las cuales coincidieron con zonas con media o alta densidad de accesiones recolectadas. Sin embargo, se identificaron otras zonas, con alta diversidad ecogeográfica y baja densidad de entradas colectadas, como lo observado en los departamentos de Trancas (provincia de Tucumán), Dr. M Belgrano, Tumbaya, Valle Grande (Jujuy), Capital y La Caldera (provincia de Salta). Estos resultados son de gran utilidad para la planificación de nuevas

colectas, ya que, al dirigir los esfuerzos a estos sitios menos representados, permitirían confirmar si la especie se encuentra en esos ambientes y ampliar de este modo la representatividad de estas zonas ecogeográficas en la colección *ex situ*. Por otro lado, las zonas donde ocurren las mayores diferencias ecogeográficas se podrían traducir en zonas donde cabe esperar la presencia de germoplasma con adaptaciones más divergentes e indirectamente una posible ocurrencia de una mayor diversidad genotípica o fenotípica. En este sentido, se observó para el departamento de Santa Victoria Oeste (Salta) alta diversidad ecogeográfica y alta diversidad genotípica, a nivel de especie y de grupos de accesiones. También se observó alta diversidad ecogeográfica y alta diversidad agromorfológica para las poblaciones silvestres de Santa Victoria Oeste (Salta) y alta diversidad ecogeográfica y alta diversidad molecular para las variedades locales de Iruya (Salta).

Se ha mencionado que los estudios sobre la representatividad ecogeográfica son esenciales para mejorar la gestión y el uso de las colecciones de germoplasma vegetal, ya que proporcionan una medida adecuada del rango de adaptación existente en un banco de germoplasma (Parra Quijano *et al.*, 2008). Debido a la estrecha relación entre los factores ecogeográficos y los patrones genéticos, cuanto mayor sea el nivel de representación ecogeográfica, mayor variabilidad genética se mantendrá en las colecciones (Greene y Hart, 1999; Byers, 2005; Meza-Linares, 2014). Además, en ambientes marginales donde las poblaciones estarían creciendo bajo determinadas presiones abióticas sería posible identificar accesiones que representarían una fuente de genes asociados a la tolerancia a estrés abiótico que podrían ser de gran interés para los programas de mejora.

A partir de los mapas obtenidos pudieron observarse zonas de alta diversidad molecular con un número relativamente bajo de accesiones colectadas, como en los departamentos La Caldera en Salta, Dr. Manuel Belgrano en Jujuy y Trancas en Tucumán, las que también presentaron alta diversidad agromorfológica y alta diversidad ecogeográfica. Esto indicaría que las colectas realizadas permitieron reunir una importante diversidad ecogeográfica, agromorfológica y molecular. Además, estos sitios con mayores niveles de diversidad genética, de acuerdo con lo mencionado por van Zonneveld *et al.* (2012), podrían ser considerados como prioritarios para la conservación *in situ*. Sería de interés evaluar el grado de amenaza presente en estos sitios y el grado de representatividad de su diversidad en las áreas protegidas para reforzar de este modo la prioridad para su conservación.

Cuando se realizaron las comparaciones entre las poblaciones silvestres y las variedades locales se observó que en general los mapas específicos para cada grupo brindan información complementaria para el análisis de diversidad de la especie. A partir del mapa de diversidad ecogeográfica se observó que en las poblaciones silvestres hubo mayor cantidad de zonas o áreas con alta diversidad ecogeográfica (y con valores más altos de diversidad), en comparación con el mapa elaborado con las variedades locales. Sin embargo, el mapa de diversidad agromorfológica para las poblaciones silvestres permitió visualizar pocas áreas de alta diversidad, identificándose mayormente zonas de diversidad intermedia, a diferencia de lo percibido a partir del mapa de diversidad genética, donde sí se observaron zonas de alta diversidad en varios departamentos de la provincia de Salta, Dr. Manuel Belgrano de Jujuy, Trancas, en Tucumán y la Cuesta del Clavillo, entre las provincias de Tucumán y Catamarca. La mayor diversidad ecogeográfica para las variedades locales se observó en Santa Victoria Oeste e Iruya (Salta) y en Tumbaya (Jujuy), coincidiendo también con las áreas de mayor diversidad genética. Sin embargo, solo se observó alta diversidad agromorfológica en las variedades locales de Tumbaya. Esta información podría ser de utilidad para el establecimiento de una colección núcleo en base a las accesiones conservadas, que sería representativa del total

de la variabilidad observada ya que tendría en cuenta la diversidad ecogeográfica, genética y agromorfológica.

Durante el análisis de diversidad espacial se detectó una correlación significativa entre la matriz de distancias genéticas y las matrices de distancias geográficas y ecogeográficas para las poblaciones silvestres. Sin embargo, en las variedades locales no se observó correlación, sugiriendo que estas presentarían una menor estructuración geográfica de la variabilidad genética en comparación con las poblaciones silvestres. Esto coincide con lo reportado por Galván *et al.* (2010), en la evaluación de poblaciones silvestres y domesticadas del NOA utilizando marcadores ISSR. De acuerdo con estos autores, la topografía del noroeste argentino favorecería el aislamiento geográfico de las poblaciones silvestres, llevando al mantenimiento de distintos eco-genotipos y un cierto grado de cruzamiento y flujo de genes entre poblaciones vecinas puede haber ayudado a mantener altos niveles de variabilidad. A diferencia de las poblaciones silvestres, el patrón de variabilidad genética de las variedades locales no estuvo relacionado con su distribución geográfica. Si bien se observó un alto nivel de variabilidad dentro de las ecorregiones, estas no fueron notorias entre ecorregiones dentro de grupos. Galván *et al.* (2010) también mencionan que, a pesar de observar altos niveles de variabilidad genética utilizando marcadores ISSR dentro de los sitios establecidos para poblaciones silvestres y variedades locales del NOA, las diferencias entre sitios no fueron tan claras, lo que coincide con lo reportado por De Ron *et al.* (2004) en estudios de diversidad de variedades locales de judía basado en caracteres agromorfológicos. El bajo grado de diferenciación de las variedades locales podría deberse a una selección homogénea ejercida por los agricultores y al intercambio de semillas en los mercados locales (Galván *et al.*, 2010), lo cual se ha mencionado también en germoplasma de México (Papa y Gepts, 2003).

El análisis de la diversidad espacial realizado a partir de mapas obtenidos utilizando datos de diferentes tipos de caracterización ofrece una visión completa de la situación de los recursos fitogenéticos de judía en la región del NOA. Esta información permitirá desarrollar estrategias de conservación efectivas y eficientes para la especie y optimizar el uso de los recursos, ya que la probabilidad de encontrar material de interés para los programas de mejora es mayor cuando existe una mayor caracterización de las accesiones y los niveles de diversidad conservados son más elevados (Frankel *et al.*, 1995; Tanksley y McCouch 1997).

5.4 ANÁLISIS DE FLUJO GÉNICO

La judía es una especie predominantemente autógama, pero se ha mencionado la ocurrencia de cruzamientos generalmente con tasas inferiores al 5% (Ibarra-Pérez *et al.*, 1997). El flujo génico y las tasas de cruzamiento están fuertemente influenciadas por el genotipo, las condiciones de crecimiento, el clima local, la dirección y velocidad del viento, la presencia y abundancia de insectos polinizadores y la proximidad a otras plantas que atraen insectos polinizadores (Wells *et al.*, 1988; Zoro-Bi *et al.*, 2005). El polen de *P. vulgaris* puede recorrer una distancia de hasta 10 m, aunque en muy baja frecuencia (0,05%) (Ferreira *et al.*, 2007) y las distancias entre variedades comerciales establecidas por las autoridades que regulan la producción de semilla varían entre 0 a 20 m en Norteamérica y Sudamérica y 50 m en España. La ocurrencia de flujo génico desde judías domesticadas hacia poblaciones silvestres cercanas fue informada en judías mesoamericanas a partir de caracteres morfológicos y moleculares (Papa y Gepts, 2003; Zizumbo-Villarreal *et al.*, 2005). En el acervo genético Andino, estudios realizados en base a marcadores ISSR y caracteres morfológicos sugirieron la existencia de flujo génico en poblaciones del NOA (Galván *et al.*, 2010; Ferreyra *et al.*, 2017). En este trabajo se seleccionaron grupos de poblaciones silvestres creciendo a diferentes distancias de los cultivos para corroborar estas observaciones previas. Dentro de la diversidad presente en las

judías, además de las formas silvestres y cultivadas, se ha mencionado la existencia de un grupo intermedio llamado “weedy form” o “weedy type”. Este grupo ha sido denominado también como judía tipo maleza y sería producto del cruzamiento entre judías silvestres y las variedades domesticadas. Los “weedy type” y otros individuos espontáneos intermedios han sido frecuentemente observados en los márgenes de los campos de cultivo de judía en Centroamérica y Sudamérica, donde ocurren en simpatria (Delgado-Salinas *et al.*, 1988; Debouck *et al.*, 1989; Beebe *et al.*, 1997; Lentini *et al.*, 2006).

Los resultados en los caracteres de semilla permitieron diferenciar a las poblaciones silvestres de las variedades comerciales, pero no se observó mayor similitud entre las poblaciones silvestres cercanas y las variedades evaluadas. Cuando se comparó la matriz de distancia euclídea obtenida a partir de los datos morfológicos y la de distancias geográficas se observó una correlación baja pero significativa ($r = 0,184$; $p = 0,014$). Payró De La Cruz *et al.* (2005) no observaron correlación entre el tamaño promedio de la semilla de poblaciones silvestres de México y la distancia al campo de cultivo más cercano. En este trabajo se evaluó la distancia a campos de cultivo como también entre las poblaciones silvestres evaluadas, para analizar no solo el flujo génico entre silvestres y cultivadas sino también entre poblaciones silvestres.

Los datos moleculares revelaron que la menor distancia genética entre las poblaciones silvestres y las variedades comerciales se observó en la población cercana Ca, lo que podría deberse a la existencia de flujo génico y la mayor distancia correspondió a la población intermedia Ib, que fue la más alejada a las variedades comerciales. Sin embargo, la distancia genética entre poblaciones silvestres fue dos veces menor a la observada entre una población silvestre y las variedades comerciales, situadas a la misma distancia geográfica.

El análisis de la varianza molecular entre las poblaciones y las variedades comerciales detectó una subdivisión significativa entre grupos, pero con un alto nivel de variabilidad genética dentro de los grupos (70%). Comparando las poblaciones de a pares, se observó que el mayor flujo génico tendría lugar entre las poblaciones silvestres intermedias, pero este fue inferior a uno. Cuando se realizó la comparación considerando ambas poblaciones cercanas (Ca y Cb) e intermedias (Ia e Ib) juntas, el número de migrantes más alto se observó entre las poblaciones silvestres cercanas a las intermedias ($Nm = 1,25$). Y en la comparación poblaciones silvestres *versus* las variedades comerciales, el mayor número de migrantes se observó entre las poblaciones silvestres cercanas y las variedades comerciales, pero este fue bajo ($Nm < 1$).

Estos resultados indicarían que sería más frecuente el flujo génico entre poblaciones silvestres que entre poblaciones silvestres y variedades comerciales, a diferencia de lo encontrado por Papa y Gepts (2003) quienes documentaron que, en poblaciones mesoamericanas, el flujo de genes desde las judías domesticadas a las silvestres sería tres veces mayor que el flujo de genes en el sentido opuesto.

Esto sería congruente con los agrupamientos obtenidos a partir de los datos morfológicos y moleculares, en los que las poblaciones silvestres presentaron mayor similitud y constituyeron un solo grupo.

Sin embargo, el análisis de estructura genética mostró diferencias entre las poblaciones silvestres cercanas Ca y Cb y las poblaciones intermedias, que no se diferenciaron entre ellas. Además, la población silvestre cercana Ca mostró mayor similitud genética con las variedades comerciales evaluadas. Si bien esta población se colectó en un sitio ubicado a 220 metros de una parcela de cultivo, el número de migrantes observado no sugiere la ocurrencia de flujo génico entre esta población y las variedades comerciales. Las similitudes podrían deberse a la presencia de dos alelos, correspondientes a los cebadores BMD44 y PvM66 que estuvieron presentes en las variedades comerciales y en las poblaciones silvestres cercanas pero ausentes

en las poblaciones silvestres intermedias, los que podrían ser de utilidad para evaluar poblaciones silvestres que crecen en simpatria con variedades comerciales cultivadas.

De acuerdo con Zizumbo-Villarreal *et al.* (2005), el flujo génico estimado a partir del número de migrantes considera los efectos combinados del flujo de genes (por medio del polen o de semillas) y su selección en un gran número de poblaciones en una amplia escala temporal. Estos autores observaron una baja influencia de las poblaciones domesticadas sobre las silvestres, pero mencionan que este resultado podría estar afectado por un bajo valor adaptivo de los alelos domesticados y en cambio otros genes, que podrían ser introducidos, podrían tener un mayor valor adaptivo y eventualmente persistir en las poblaciones silvestres. Sería necesario realizar estudios más profundos para comprobar si esto estuviese sucediendo también en las poblaciones andinas.

El flujo génico estimado entre las poblaciones silvestres cercanas e intermedias, fue mayor a 1 ($Nm = 1,25$), lo que explicaría la ocurrencia de los individuos híbridos observados entre las poblaciones silvestres cercanas e intermedias a partir del análisis bayesiano. Se ha mencionado que un alto nivel de flujo génico entre poblaciones silvestres puede ser suficiente para contrarrestar los efectos de la deriva genética y la autogamia bajo condiciones naturales (Hedrick, 2000).

El análisis multivariado de los caracteres moleculares reveló que las poblaciones que presentaron mayor similitud entre ellas fueron las poblaciones silvestres intermedias, las que a su vez fueron las que presentaron mayor distancia geográfica a los cultivos. Esto coincide con los resultados obtenidos a partir del análisis de correlación entre la distancia genética y la distancia geográfica. Payró de la Cruz *et al.* (2005), en el estudio de poblaciones silvestres de México observaron que las dos poblaciones más distantes de las parcelas cultivadas fueron las más cercanas genéticamente y se agruparon en el mismo clado, mostrando poca influencia de hibridación con plantas domesticadas, sugiriendo que el aislamiento con relación a las variedades domesticadas les permitió permanecer similares entre sí y diferenciarse del resto de las poblaciones silvestres. Sin embargo, sería de interés realizar nuevos estudios utilizando un mayor número de marcadores SSR, diseñando un muestreo específico que permita coleccionar muestras de poblaciones silvestres y variedades comerciales en simultáneo y estableciendo un mayor número de distancias de muestreo.

Sería de gran interés realizar estudios adicionales que permitan estimar el nivel de flujo génico entre poblaciones silvestres y variedades locales del NOA, incluyendo observaciones sobre poblaciones de insectos polinizadores de *Phaseolus*, y realizando estimaciones de las tasas de cruzamiento de poblaciones silvestres con presencia y ausencia de polinizadores, la evaluación de complejos “wild-weedy-crop” en sistemas agrícolas tradicionales y los efectos de la conservación y el manejo de las variedades locales llevados a cabo por los agricultores sobre el acervo genético de la especie.

6 CONCLUSIONES

Teniendo en cuenta los objetivos planteados en esta tesis, se concluye que:

1. Los caracteres agromorfológicos, moleculares y ecogeográficos utilizados en este trabajo son complementarios y permitieron una descripción más completa de la agrobiodiversidad existente en las poblaciones silvestres y las variedades locales del noroeste argentino evaluadas. Los resultados obtenidos serán de utilidad para la planificación de futuras estrategias de conservación ya que permiten identificar zonas prioritarias, en función de la diversidad observada, como también para la planificación de futuras colectas que permitan incrementar la diversidad en la colección actual conservada.
2. Las variedades locales presentaron mayor variación agromorfológica que las poblaciones silvestres, con valores medios superiores en el 88% de los caracteres evaluados. Las variables que más contribuyeron a la diferenciación fueron los caracteres de vaina y semilla, el peso de 100 semillas, inicio de floración, días a madurez, el promedio de vainas totales y el rendimiento.
3. Los resultados de la caracterización genotípica realizada en base a los marcadores SSR sugirieron que, si bien existe una diferenciación genética entre las poblaciones silvestres y las variedades locales, ambos grupos presentaron niveles de variabilidad genotípica similar. El análisis molecular de la varianza mostró diferencias significativas entre los grupos silvestre y las variedades locales y una gran variabilidad entre individuos dentro de las ecorregiones.
4. A partir del análisis de diversidad ecogeográfica se visualizó que las poblaciones silvestres se encuentran en un mayor número de zonas o áreas con alta diversidad ecogeográfica en comparación con las variedades locales. La información obtenida a partir de la caracterización realizada para ambos grupos de germoplasma es complementaria y permite conocer el patrón de diversidad ecogeográfica para la especie *P. vulgaris* en el noroeste argentino.
5. Las poblaciones de judías silvestres del NOA creciendo en simpatría con judías comerciales que fueron evaluadas en este trabajo no presentarían flujo génico desde las variedades comerciales. Sin embargo, la diversidad observada dentro de las poblaciones silvestres evaluadas sugiere la ocurrencia de flujo génico entre poblaciones silvestres próximas geográficamente.

7 REFERENCIAS

- Acosta-Gallegos, J., Kelly, J., y Gepts, P. 2007. Prebreeding in Common Bean and Use of Genetic Diversity from Wild Germplasm. *Crop Science*, 47(Supplement_3), S–44. [doi:10.2135/cropsci2007.04.0008](https://doi.org/10.2135/cropsci2007.04.0008)
- Acosta-Gallegos, J.; Rosales-Serna, R. y Garza-García, R. 1992. Daño por picudo del ejote en *Phaseolus vulgaris* silvestre. (In Spanish, with English abstract.) *Bol. Soc. Mex. Entomol.* 11:37–43.
- Adams, M. W. 1967. Basis of Yield Component Compensation in Crop Plants With Special Reference to the Field Bean, *Phaseolus vulgaris* L.. *Crop Science*, 7(5). <https://doi.org/10.2135/cropsci1967.0011183X000700050030x>
- Aguilar M., Riva O. y Peltzer E. 2004 Analysis of Rhizobium elti and of its symbiosis with wild *Phaseolus vulgaris* supports coevolution in centers of host diversification PNAS 101 (37): 13548-13553
- Allard, R. 1996. Genetic basis of the evolution of adaptedness in plants. *Euphytica*, 92(1), 1–11. <https://doi.org/10.1007/BF00022822>
- Alonso, S. 1992. *Variabilidad en poblaciones de Lolium multiflorum Lam. naturalizadas en los pastizales de la provincia de Buenos Aires*. Tesis M.Sc. Escuela Postgrado en Prod. Veg., UNMdP.U.I.B.:FCA -EEA Balcarce, INTA.
- Alvarez-Ojeda, M. G., Pecina-Quintero, V., Acosta-Díaz, E. y Almeyda-León, I. H. 2018. Evaluación molecular del aguacate criollo (*Persea americana* Mill) en Nuevo León, México. *Revista Colombiana de Biotecnología* (Vol. 20, pp. 38–46).
- Ambachew, D., Londoño, J.M., Rodríguez-Castillo, N., Asfaw, A. y Blair, MW. 2024. Genetic Diversity, Linkage Disequilibrium, and Population Structure in a common bean reference collection. *Agronomía* 2024 , 14 , 985. <https://doi.org/10.3390/agronomy14050985>
- Angioi, S., Rau, D., Attene, G., Nanni, L., Bellucci, E., Logozzo, G., Negri, V., Zeuli, P., Spagnoletti, L. y Papa, R. 2010. Beans in Europe: Origin and structure of the European landraces of *Phaseolus vulgaris* L. *Theoretical and Applied Genetics*, 121(5), 829–843. <https://doi.org/10.1007/s00122-010-1353-2>
- Ariani, A., Berny Mier y Teran, J. y Gepts, P. 2018. Spatial and Temporal Scales of Range Expansion in Wild *Phaseolus vulgaris*. *Molecular Biology and Evolution*, 35(1), 119–131. <https://doi.org/10.1093/molbev/msx273>
- Arias, M. y Bianchi A.R. 1996. Estadísticas climatológicas de la Provincia de Salta.
- Asfaw, A., Blair, M. y Almekinders, C. 2009. Genetic diversity and population structure of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) landraces from the East African highlands. *Theoretical and Applied Genetics*, 120(1), 1–12. <https://doi.org/10.1007/s00122-009-1154-7>
- Ávila, T., Blair, M., Reyes, X. y Bertin, P. 2012. Genetic diversity of bean (*Phaseolus*) landraces and wild relatives from the primary centre of origin of the Southern Andes. *Plant Genetic Resources: Characterisation and Utilisation*, 10(1), 83–92. <https://doi.org/10.1017/S1479262112000020>
- Avise, J. 2004. *Molecular Markers. Natural History and Evolution* (2nd edn.). Sinauer Associates.
- Baldoni, A. B., Wadt, L. H. y Pedrozo, C. 2019. Brazil Nut (*Bertholletia excelsa* Bonpl.) Breeding

- BT - Advances in Plant Breeding Strategies: Nut and Beverage Crops: Volume 4 (J. M. Al-Khayri, S. M. Jain, & D. V Johnson (Eds.); pp. 57–76. Springer International Publishing. https://doi.org/10.1007/978-3-030-23112-5_3
- Baudet, J. C. 1977. Origine et classification des espèces cultivées du genre *Phaseolus*. *Bulletin de La Société Royale de Botanique de Belgique / Bulletin van de Koninklijke Belgische Botanische Vereniging*, 110(1/2), 65–76. <http://www.jstor.org/stable/20793672>
- Becerra, V., Paredes, C., Rojo, M., Díaz, L. y Blair, M. 2010. Microsatellite Marker Characterization of Chilean Common Bean (*Phaseolus vulgaris* L.) Germplasm. *Crop Science*, 50(5), 1932–1941.
- Beebe, S., Skroch, P., Tohme, J., Duque, M., Pedraza, F. y Nienhuis, J. 2000. Structure of genetic diversity among common bean landraces of Middle American origin based on correspondence analysis of RAPD. *Crop Sci.*, 40, 264–273.
- Beebe, S., Toro, O., González, A., Chacón, M. y Debouck, D. 1997. Wild-weed-crop complexes of common bean (*Phaseolus vulgaris* L., Fabaceae) in the Andes of Peru and Colombia, and their implications for conservation and breeding. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 44(1), 73–91. <https://doi.org/10.1023/A:1008621632680>
- Beeching, J., Marmey, P., Hughes, M. y Charrier, A. 1994. Evaluation of molecular approaches for determining genetic diversity in Cassava germplasm. 2nd Internat. Scient. Meet. The Cassava Biotechnology Network, 22–26.
- Belaj, A., Caballero, J. M., Barranco, D., Rallo, L. y Trujillo, I. 2003. Genetic characterization and identification of new accessions from Syria in an olive germplasm bank by means of RAPD markers. *Euphytica*, 134(3), 261–268. <https://doi.org/10.1023/B:EUPH.0000004954.93250.f5>
- Bellucci, E., Benazzo, A., Xu, C., Bitocchi, E., Rodriguez, M., Alseekh, S., Di Vittori, V., Gioia, T., Neumann, K., Cortinovis, G., Frascarelli, G., Murube, E., Trucchi, E., Nanni, L., Ariani, A., Logozzo, G., Shin, J., Liu, C., Jiang, L., Ferreira, J., Campa, A., Attene, G., Morrell, P., Bertorelle, G., Graner, A., Gepts, P., Fernie, A., Jackson S. y Papa, R. 2023. La selección y la introgresión adaptativa guiaron la compleja historia evolutiva del frijol común europeo. *Nature communications*, 14 (1), 1908.
- Bellucci, E., Bitocchi, E., Rau, D., Rodriguez, M., Biagetti, E., Giardini, A., Attene, G., Nanni, L. y Papa, R. 2014. Genomics of Origin, Domestication and Evolution of *Phaseolus vulgaris*. In R. Tuberosa, A. Graner, & E. Frison (Eds.), *Genomics of Plant Genetic Resources: Volume 1. Managing, sequencing and mining genetic resources*. pp. 483–507. Springer Netherlands. https://doi.org/10.1007/978-94-007-7572-5_20
- Bennett, E. 1970. Tactics of plant exploration. In *Genetic resources in plants-their exploration and conservation*. Blackwell Scientific Publications, Oxford & Edinburgh.
- Berglünd-Brücher, O., y Brücher, H. 1976. The South American wild bean (*Phaseolus aborigineus* Burk.) as ancestor of the common bean. *Econ. Bot.*, 30, 257-272.
- Bitocchi, E., Nanni, L., Bellucci, E., Rossi, M., Giardini, A., Zeuli, P., Logozzo, G., Stougaard, J., McClean, P., Attene, G. y Papa, R. 2012. Mesoamerican origin of the common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) is revealed by sequence data. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 109(14). <https://doi.org/10.1073/pnas.1108973109>
- Bitocchi, E., Rau, D., Bellucci, E., Rodriguez, M., Murgia, M., Gioia, T., Santo, D., Nanni, L., Attene, G. y Papa, R. 2017. Beans (*Phaseolus* spp.) as a model for understanding crop evolution. *Frontiers in Plant Science*, 8(May), 1–21. <https://doi.org/10.3389/fpls.2017.00722>
- Blair, M. y Lorigados, S. 2016. Diversity of Common Bean Landraces, Breeding Lines, and

- Varieties from Cuba. *Crop Science*, 56(1), 322–330. <https://doi.org/10.2135/cropsci2015.04.0213>
- Blair, M., Díaz, J., Hidalgo, R., Díaz, L. y Duque, M. 2007. Microsatellite characterization of Andean races of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). *Theoretical and Applied Genetics*, 116(1), 29–43. <https://doi.org/10.1007/s00122-007-0644-8>
- Blair, M., Díaz, L. y Acosta-Gallegos, J. 2013. Race Structure in the Mexican Collection of Common Bean Landraces. *Crop Science*, 53(4), 1517–1528. <https://doi.org/10.2135/cropsci2012.07.0442>
- Blair, M., Díaz, L., Buendía, H. y Duque, M. 2009. Genetic diversity, seed size associations and population structure of a core collection of common beans (*Phaseolus vulgaris* L.). *Theoretical and Applied Genetics*, 119(6), 955–972. <https://doi.org/10.1007/s00122-009-1064-8>
- Blair, M., Giraldo, M., Buendia, H., Tovar, E., Duque, M. y Beebe, S. 2006. Microsatellite marker diversity in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). *TAG. Theoretical and Applied Genetics. Theoretische Und Angewandte Genetik*, 113, 100–109. <https://doi.org/10.1007/s00122-006-0276-4>
- Blair, M., Pedraza, F., Buendia, H., Gaitán-Solís, E., Beebe, S., Gepts, P. y Tohme, J. 2003. Development of a genome-wide anchored microsatellite map for common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). *Theoretical and Applied Genetics*, 107(8), 1362–1374. <https://doi.org/10.1007/s00122-003-1398-6>
- Blair, M., Soler, A. y Cortés, A. 2012. Diversification and Population Structure in Common Beans (*Phaseolus vulgaris* L.). *PLoS ONE*, 7(11). <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0049488>
- Bliss, F. 1980. Common bean. In W. Ferh & H. Hadley (Eds.), *Hybridization of crops plants*. pp. 273–284. American Society of Agronomy and Crop Science, Wisconsin, USA. p.
- Bornet, B. y Branchard, M. 2001. Nonanchored Inter Simple Sequence Repeat (ISSR) markers: Reproducible and specific tools for genome fingerprinting. *Plant Molecular Biology Reporter*, 19(3), 209–215. <https://doi.org/10.1007/BF02772892>
- Botstein, D., White, R. L., Skolnick, M. y Davis, R. W. 1980. Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms. *American Journal of Human Genetics*, 32(3), 314–331.
- Breese, E. y Tyler, B. 1986. Patterns of variation and the underlying genetic and cytological architecture in grasses whit particular referente to *Lolium*. In B. Styles (Ed.), *Infraspecific classification of wild and cultivated plants*. (pp. 53–69). Clarendon Press, Oxford U.K.
- Brücher, H. 1988. The wild ancestor of *Phaseolus vulgaris*. In P. Gepts (Ed.), *Genetics resources of Phaseolus beans: their maintenance, domestication, evolution and utilization*. pp. 185–214. Kluwer. Dordrecht, Holanda.
- Bukhari, A., Bhat, M., Ahmad, M. y Saleem, N. 2015. Examination of genetic diversity in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) using random amplified polymorphic DNA (RAPD) markers. *African Journal of Biotechnology*, 14(6), 451–458. <https://doi.org/10.5897/ajb2014.14281>
- Burkart, A. 1955. Presentación de porotos de adorno de Bolivia. *Physis XX*, vol 55: 56
- Burkart, R., Bárbaro, N., Sánchez, R. y Gómez, D. 1999. *Ecorregiones de la Argentina*. Administración de Parques Nacionales. Buenos Aires.
- Burle, M., Fonseca, J., Kami, J. y Gepts, P. 2010. Microsatellite diversity and genetic structure among common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) landraces in Brazil, a secondary center of diversity. *Theoretical and Applied Genetics*, 121(5), 801–813. <https://doi.org/10.1007/s00122-010-1350-5>
- Byers, D. 2005. Evolution in heterogeneous environments and the potential of maintenance of

- genetic variation in traits of adaptive significance. *Genetica*, 123(1), 107. <https://doi.org/10.1007/s10709-003-2721-5>
- Cabrera, A. 1976. Regiones fitogeográficas Argentinas. In *Enciclopedia Argentina de Agricultura y jardinería*. (Segunda ed, p. 85). Tomo II. Fascículo 1. Editorial Acme S.A.C.I.
- Can-chulim, A., Cruz-crespo, E., Ortega-escobar, H., Sánchez-bernal, E., Madueño-Molina, A., Bojórquez-serrano, J. y Mancilla-Villa, O. 2017. Respuesta de *Chenopodium quinoa* a la salinidad generada por NaCl en Bolivia. *Ciencias Agrícolas*, 8(6), 1287–1300.
- Capuzzo, A. y Maffei, M. 2016. Molecular fingerprinting of peppermint (*Mentha piperita*) and some *Mentha* hybrids by sequencing and RFLP analysis of the 5S rRNA Non-Transcribed Spacer (NTS) region. *Plant Biosystems - An International Journal Dealing with All Aspects of Plant Biology*, 150(2), 236–243. <https://doi.org/10.1080/11263504.2014.969355>
- Cardona, C., Kornegay, J., Posso, C., Morales, F., Ramirez, H. 1990 Comparative value of four arcelin variants in the development of dry bean lines resistant to the Mexican bean weevil. *Entomología Experimental y Aplicada*, (56), 197-206. <https://doi.org/10.1111/j.1570-7458.1990.tb01397.x>
- Cardoso, R., Ruas, C. F., Giacomini, R. M., Ruas, P. M., Ruas, E. A., Barbieri, R. L., Rodrigues, R. y Gonçalves, L. S. 2018. Genetic variability in Brazilian *Capsicum baccatum* germplasm collection assessed by morphological fruit traits and AFLP markers. *PLOS ONE*, 13(5), e0196468. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0196468>
- Carvalho, M.S., de Oliveira Moulin Carias, C.M., Silva, M.A., Ferreira, M.F, Posse, C.P., Guilhen, J.S. y Ferreira, A. 2023. Microsatellites and agronomic approaches reveal the diversity of beans (*Phaseolus vulgaris* L.) cultivated in Espírito Santo—Brazil, by family farms. *Genet Resour Crop Evol* 70, 731–747. <https://doi.org/10.1007/s10722-022-01457-9>
- Casmuz, A., Fadda, L., Cazado, L., Gastaminza, G., Vizgarra, O. y Espeche, C. 2016. Las plagas en el cultivo de poroto en O. Vizgarra Editor (Ed.)Manual técnico del cultivo de poroto para el Noroeste Argentino. (1ra ed. pp.109-135). Estación Experimental Agroindustrial Obispo Colombes).
- Catarcione, G., Paolacci, A.R., Alicandri, E., Gramiccia, E., Taviani, P., Trasero Rea, R, Costanza, M.T., De Lorenzis, G., Puccio, G., Mercati, F. y Ciaffi, M. 2023. Genetic diversity and population structure of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) landraces in the Lazio region of Italy. *Plantas* 2023 , 12 , 744. <https://doi.org/10.3390/plants12040744>
- Cattan-Toupance, I., Michalakakis, Y. y Neema, C. 1998. Genetic structure of wild bean populations in their South-Andean centre of origin. *Theoretical and Applied Genetics*, 96(6–7), 844–851. <https://doi.org/10.1007/s001220050811>
- Cazares-Alonso, N. P., Villavicencio-Gutiérrez, E. E., Verde-Star, J., Pecina-Quintero, V. y Almeyda-León, I. H. 2010. Caracterización molecular y producción de aceites esenciales de diferentes genotipos de orégano (*Lippia* sp.) . In *Revista mexicana de ciencias forestales* (Vol. 1, pp. 85–94). scielomx.
- Ceballos-Silva, A. y López-Blanco, J. 2003. Evaluating biophysical variables to identify suitable areas for oat in Central Mexico: a multi-criteria and GIS approach. *Agriculture, Ecosystems and Environment*, 95(1), 371–377. [https://doi.org/10.1016/S0167-8809\(02\)00180-9](https://doi.org/10.1016/S0167-8809(02)00180-9)
- Chaves-Barrantes, N., Araya-Villalobos, R. y Debouck, D. 2014. Cruzamiento natural en frijol común en Costa Rica. *Agronomía Mesoamericana*, 25(1), 23. <https://doi.org/10.15517/am.v25i1.14490>
- Chavez-Servia, J., Heredia-Garcia, E., Mayek-Perez, N., Aquino-Bolaños, E., Hernandez-

- Delgado, S., Carrillo-Rodríguez, J., Gill-Langarica, H. y Vera-Guzmán, A. 2016. Diversity of Common Bean (*Phaseolus vulgaris* L.) Landraces and the Nutritional Value of their Grains. In *Intech* (pp. 1–33). <https://doi.org/http://dx.doi.org/10.5772/57353>
- Chen, H., Qiao, L., Wang, L., Wang, S., Blair, M. y Cheng, X. 2015. Assessment of genetic diversity and population structure of mung bean (*Vigna radiata*) germplasm using EST-based and genomic SSR markers. *Gene*, 566(2), 175–183. <https://doi.org/https://doi.org/10.1016/j.gene.2015.04.043>
- Cho, Y., Ishii, T., Temnykh, S., Chen, X., Lipovich, L., McCouch, S., Park, W., Ayres, N. y Cartinhour, S. 2000. Diversity of microsatellites derived from genomic libraries and GenBank sequences in rice (*Oryza sativa* L.). *Theoretical and Applied Genetics*, 100(5), 713–722. <https://doi.org/10.1007/s001220051343>
- CIAT. Centro Internacional de Agricultura Tropical. 1983. Etapas de desarrollo de la planta de frijol común. Guía de estudio. CIAT. Cali, Colombia
- CIAT. Centro Internacional de Agricultura Tropical. 1984. Morfología de la planta de frijol común (*Phaseolus vulgaris* L.). Guía de estudio. CIAT. Cali, Colombia
- Coelho, R. C., Faria, M. A., Rocha, J., Reis, A., Oliveira, M. B. P. P. y Nunes, E. 2009. Assessing genetic variability in germplasm of *Phaseolus vulgaris* L. collected in Northern Portugal. *Scientia Horticulturae*, 122(3), 333–338. <https://doi.org/10.1016/j.scienta.2009.05.035>
- Cominelli, E., Rodiño, A., De Ron, A. y Sparvoli, F. 2019. Genetic Approaches to Improve Common Bean Nutritional Quality: Current Knowledge and Future Perspectives. In A. Qureshi, Z. Dar, & S. Wani (Eds.), *Quality Breeding in Field Crops* (pp. 109–138). Springer Nature. <https://doi.org/10.1007/978-3-030-04609-5>
- Cosson, P., Hastoy, C., Errazzu, L. E., Budeguer, C. J., Boutié, P., Rolin, D. y Schurdi-Levraud, V. 2019. Genetic diversity and population structure of the sweet leaf herb, *Stevia rebaudiana* B., cultivated and landraces germplasm assessed by EST-SSRs genotyping and steviol glycosides phenotyping. *BMC Plant Biology*, 19(1), 436. <https://doi.org/10.1186/s12870-019-2061-y>
- Dar, A., Mahajan, R. y Sharma, S. 2019. Molecular markers for characterization and conservation of plant genetic resources. *Indian Journal of Agricultural Sciences*. 89. 1755-1763. 10.56093/ijas.v89i11.95286.
- De la Cuadra, C., De Ron, A. y Schachl, R. 2001. Handbook on evaluation of *Phaseolus* germplasm. CSIC - Misión Biológica de Galicia (MBG)
- De la Cuadra, C. 1992. Germinación, latencia y dormición de las semillas. Dormición en las avenas
- De La Fuente, M., González, A., De Ron, A. y Santalla, M. 2013. Patterns of genetic diversity in the Andean gene pool of common bean reveal a candidate domestication gene. *Molecular Breeding*, 31(3), 501–516. <https://doi.org/10.1007/s11032-012-9806-8>
- De Ron, A. M., Menéndez-Sevillano, M. C. y Santalla, M. 2004. Variation in primitive landraces of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) from Argentina. *Genetic Resources and Crop Evolution* 51: 883-894.
- De Ron, A., González, A., Rodiño, A., Santalla, M., Godoy, L. y Papa, R. 2016. History of the common bean crop: Its evolution beyond its areas of origin and domestication. *Arbor*, 192(779). <https://doi.org/10.3989/arbor.2016.779n3007>
- De Ron, A., Menéndez-Sevillano, M. y Santalla, M. 2005. Variation in primitive landraces of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) from Argentina. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 51(8), 883–894. <https://doi.org/10.1007/s10722-005-1934-0>
- De Ron, A., Papa, R., Bitocchi, E., González, A., Debouck, D., Brick, M., Fourie, D., Marsolais, F., Beaver, J., Geffroy, V., McClean, P., Santalla, M., Lozano, R., Yuste-Lisbona, F. y

- Casquero, P. 2015. Common bean. In A. De Ron (Ed.), *Grain Legumes* (pp. 1–434). Springer. <https://doi.org/10.1007/978-1-4939-2797-5>
- De Souza Rodrigues Marinho, J., Valdisser, PAMR, Brondani, C., Pavanelli, I. y Vianello, R.P. 2023. Molecular markers for assessing the inter- and intra-racial genetic diversity and structure of common bean. *Genet Resour Crop Evol* 70 , 263–279 (2023). <https://doi.org/10.1007/s10722-022-01432-4>
- Debouck, D. 1987. *Mejoramiento del frijol gracias a sus formas silvestres*. Hojas de frijol.V.9 N°2.
- Debouck, D. 1988. *Phaseolus* germplasm exploration. In: Gepts, P. (ed). *Genetic Resources of Phaseolus Beans. Their maintenance, domestication, evolution, and utilization*. Kluwer Academic Publishers. pp 3-30
- Debouck, D. 1991. Systematics and morphology. In A. van Schoonhoven y O. Voysest (Eds.), *Common Beans: Research for Crop Improvement*. pp. 55–118. CIAT-Centro Internacional de Agricultura Tropical. C.A.B.-Internacional. Wallingford, UK.
- Debouck, D. 2000. Genetic resources of *Phaseolus* beans: patterns in time, space and people. II Seminario de Judia de La Península Ibérica.
- Debouck, D. y Tohme, J. 1988. Implicaciones que tienen los estudios sobre los orígenes del frijol común, *Phaseolus vulgaris* L., para los mejoradores de frijol. In S. Beebe (Ed.), *Temas actuales en mejoramiento genético del frijol común*. pp. 1–44. Memorias del Taller Internacional de Mejoramiento Genético de Frijol . Cali, Colombia.
- Debouck, D., De Ron, A. M., Santalla, M., Voysest, O. y Welsh, M. 2009. Key access and utilization descriptors for bean genetic resources. *Biodiversity International*. 6 pp.
- Debouck, D., Flores, M., Ariola, O. y Tohme, J. 1989. Presence of wild-weed-crop complex in *Phaseolus vulgaris* L. in Perú. *Annu. Rep. Bean Improvement Coop.*, 32, 64–65.
- Delgado-Salinas, A., Bonet, A. y Gepts, P. 1988. The wild relative of *Phaseolus vulgaris* in Middle America. In P. Gepts (Ed.), *Genetic Resources of Phaseolus Beans* .pp. 163–184. (Kluwer, Boston).
- Demey, J., Zambrano, A., Fuenmayor, F. y Segovia, V. 2003. Relación entre caracterizaciones molecular y morfológica en una colección de Yuca. *Interciencia*, 28(12), 1–7.
- Di Rienzo J.A., Casanoves F., Balzarini M.G., Gonzalez L., Tablada M. y Robledo C.W. 2020. InfoStat versión 2020. Centro de Transferencia InfoStat, FCA, Universidad Nacional de Córdoba, Argentina. URL <http://www.infostat.com.ar>.
- Díaz-Batalla, L., Widholm, J.; Fahey, G.; Castaño-Tostado, E. y Paredes-López, O. 2006. Chemical components with health implications in wild and cultivated Mexican common bean seeds (*Phaseolus vulgaris* L.). *J. Agric. Food Chem.* 54:2045–2052.
- Díaz-Martínez, L., Buendía, H., Duque, M. y Blair, M. 2011. Genetic diversity of Colombian landraces of common bean as detected through the use of silver-stained and fluorescently labelled microsatellites. *Plant Genetic Resources*, 9, 86–96. <https://doi.org/10.1017/s1479262110000420>
- Dice, L. 1945. Measures of the Amount of Ecologic Association Between Species. *Ecology*, 26(3), 297–302. <https://doi.org/10.2307/1932409>
- Doyle, J. y Doyle, J. L. 1990. Isolation of plant DNA from fresh tissue. *Focus*, 12, 13–15.
- Durán, L., Blair, M., Giraldo, M., Macchiavelli, R., Prophete, E., Nin, J. y Beaver, J. 2005. Morphological and molecular characterization of common bean landraces and cultivars from the Caribbean. *Crop Science*, 45(4), 1320–1328. <https://doi.org/10.2135/cropsci2004.0501>
- Ekbiç, E. y Hasancaoğlu, E. M. 2019. Morphological and molecular characterization of local common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) genotypes. *Applied Ecology and Environmental*

- Research*, 17(1), 841–853. https://doi.org/10.15666/aeer/1701_841853
- Emanuelli, F., Lorenzi, S., Grzeskowiak, L., Catalano, V., Stefanini, M., Troglio, M., Myles, S., Martinez Zapater, J. M., Zyprian, E., Moreira, F. M. y Grando, M. 2013. Genetic diversity and population structure assessed by SSR and SNP markers in a large germplasm collection of grape. *BMC Plant Biology*, 13(1), 39. <https://doi.org/10.1186/1471-2229-13-39>
- Esquinas-Álcazar, J. (1983). *Los recursos fitogenéticos: una inversión segura para el futuro*. (p. 44). IBPGR-FAO, Roma e INIA, Madrid.
- Espinosa-Alonso, G., Lygin, A.; Widholm, J.; Valverde, M. y Paredes-Lopez, O. 2006. Polyphenols in wild and weedy Mexican common beans (*Phaseolus vulgaris* L.). *J. Agric. Food Chem.* 54:4436–4444.
- Evanno, G., Regnaut, S. y Goudet, J. 2005. Detecting the number of clusters of individuals using the software structure: a simulation study. *Molecular Ecology*, 14(8), 2611–2620. <https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.2005.02553.x>
- Evans, A. y Walters, D. 1978. Describing, evaluating and utilizing a germplasm collection of *Phaseolus vulgaris* beans. In A. Zeven & A. van Harten (Eds.), *Proc. Conf. Broadening Genetic Base of Crops. Wageningen, Netherlands*. (pp. 127–133).
- Excoffier, L., Smouse, P. E. y Quattro, J. M. 1992. Analysis of molecular variance inferred from metric distances among DNA haplotypes: application to human mitochondrial DNA restriction data. *Genetics*, 131(2), 479–491.
- Fancelli, A. 2016. Fisiología de la producción y fenología del poroto común (*Phaseolus vulgaris* L.). En: Vizgarra, O. N., C. M. Espeche y L. D. Ploper (eds.), *Manual técnico del cultivo de poroto para el Noroeste Argentino*. Estación Experimental Agroindustrial Obispo Colombes, Tucumán, 2016, pp. 288.
- FAO. Food and Agriculture Organization of the United Nations. 2014. Normas para bancos de germoplasma de recursos fitogenéticos para la alimentación y la agricultura. Edición revisada. Roma.
- FAO. Food and Agriculture Organization of the United Nations. 2016a. Beneficios nutricionales de las legumbres. <https://openknowledge.fao.org/server/api/core/bitstreams/dd0a3720-4c5e-460b-8e85-2eb98beb3e0d/content>.
- FAO. Food and Agriculture Organization of the United Nations. 2016b. Legumbres: semillas nutritivas para un futuro sostenible. <https://openknowledge.fao.org/server/api/core/bitstreams/c0125315-854e-40f5-8a25-8c52af036a13/content>
- FAO. Food and Agriculture Organization of the United Nations. 2018. Legumbres. Pequeñas semillas, grandes soluciones. Ciudad de Panamá. 292 páginas.
- FAO. Food and Agriculture Organization of the United Nations. 2024. *FAOSTAT*. <http://www.fao.org/faostat/en/>. Consulta: enero de 2024.
- Ferguson, M., Jarvis, A., Stalker, H., Williams, D., Guarino, L., Valls, J., Pittman, R., Simpson, C. y Bramel, P. 2005. Biogeography of wild *Arachis* (Leguminosae): distribution and environmental characterisation. *Biodiversity & Conservation*, 14(7), 1777–1798. <https://doi.org/10.1007/s10531-004-0699-7>
- Ferreira, J. L., De Souza Carneiro, J. E., Teixeira, A. L., De Lanes, F. F., Cecon, P. R. y Borém, A. 2007. Gene flow in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). *Euphytica*, 153(1–2), 165–170. <https://doi.org/10.1007/s10681-006-9251-z>
- Ferreira, M., Menéndez-Sevillano, M.C., Noe, Y., Ibarra, L. y De Ron, A. 2017. In situ conservation of common bean germplasm from Northwestern Argentina. *Euphytica* (2017) 213:186. <https://doi.org/10.1007/s10681-017-1954-9>

- Flores de la Cruz, M. J., A. García-Esteva, J. R. García-Nava, J. Kohashi Shibata y M. C. e Ybarra-Moncada. 2018. Phenological, morphological and yield component differences between a wild and domesticated form of common bean. *Revista Mexicana de Ciencias Agrícolas*. 9(1): 137-149.
- Foresto, E. 2021. ¿Qué es una leguminosa y cómo se clasifican? Una actualización para estudiantes de nivel medio y superior. *Revista De Educación En Biología*, 24(1), 27-38. <https://doi.org/10.59524/2344-9225.v24.n1.28158>
- Franco, T. e Hidalgo, R. (Eds.). 2003. Análisis Estadístico de Datos de Caracterización Morfológica de Recursos Fitogenéticos. Boletín técnico no. 8, Instituto Internacional de Recursos Fitogenéticos (IPGRI), Cali, Colombia.
- Frankel, O., Burdon, J. y Brown, A. 1995. The conservation of plant biodiversity. Cambridge University Press.
- Freyre, R., Ríos, R., Guzmán, L., Debouck, D. y Gepts, P. 1996. Ecogeographic distribution of *Phaseolus* spp. (Fabaceae) in Bolivia. *Economic Botany*, 50(2), 195–215. <https://doi.org/10.1007/BF02861451>
- Freytag, G.F. y Debouck, D. G. 2002. Taxonomy, distribution, and ecology of the genus *Phaseolus* (Leguminosae-papilionoideae) in North America, Mexico and Central America. Botanical Research Institute of Texas (BRIT), Forth Worth, TX, USA. 298 p. (Sida, botanical miscellany no. 23).
- Gaitán-Solís, E., Duque, M., Edwards, K. y Tohme, J. 2002. Microsatellite repeats in common bean (*Phaseolus vulgaris*): Isolation, characterization, and cross-species amplification in *Phaseolus* ssp. *Crop Science*, 42(6), 2128–2136. <https://doi.org/10.2135/cropsci2002.2128>
- Galván, M. 2006. Análisis de la variabilidad genética en poblaciones primitivas y silvestres de *Phaseolus vulgaris*, mediante marcadores bioquímicos y moleculares. Tesis Doctoral. Universidad Nacional de La Plata. Argentina.
- Galván, M., Aulicino, M., García-Medina, S. y Balatti, P. 2001. Genetic diversity among Northwestern Argentinian cultivars of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) as revealed by RAPD markers. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 48(3), 251–260. <https://doi.org/10.1023/A:1011264009315>
- Galván, M., Lanteri, A., Menéndez-Sevillano, M. y Balatti, P. 2010. Molecular characterisation of wild populations and landraces of common bean from northwestern Argentina. *Plant Biosystems*, 144(2), 365–372. <https://doi.org/10.1080/11263500903503942>
- Gama, P., Inanaga, S., Tanaka, K. y Nakazawa, R. 2007. Physiological response of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) seedlings to salinity stress. *African Journal of Biotechnology*, 6(2), 079–088. <https://doi.org/10.5897/AJB06.489>
- García-Urióstegui, A. 2015. Secado de la semilla y su calidad fisiológica, y el rendimiento de frijol silvestre, domesticado y sus líneas. Tesis de Maestría en Ciencias. Montecillo, Texcoco, Edo Méx. 71 p.
- Gepts, P. y Bliss, F. 1986. Phaseolin variability among wild and cultivated common beans (*Phaseolus vulgaris*) from Colombia. *Economic Botany*, 40(4), 469–478. <https://doi.org/10.1007/BF02859660>
- Gepts, P. y Bliss, F. 1988. Dissemination Pathways of Common Bean (*Phaseolus vulgaris*, Fabaceae) Deduced from Phaseolin Electrophoretic Variability. II. Europe and Africa. *New York*, 42(June 1986), 86–104.
- Gepts, P. y Debouck, D. 1991. Origin, domestication, and evolution of the common bean BT - Common Beans: Research for Crop Improvement. In A. van Schoonhoven & O. Voyses (Eds.), *Common Beans: Research for Crop Improvement*. (C.A.B. Int, pp. 7–53).

- Gepts, P., Osborn, T., Rashka, K. y Bliss, F. 1986. Phaseolin-protein variability in wild forms and landraces of the common bean (*Phaseolus vulgaris*) evidence for multiple centers of domestication. *Econ. Bot.*, 40(4), 451–468. <https://doi.org/10.1007/BF02859659>
- Gil, J. y De Ron, A. 1992. Variation in *Phaseolus vulgaris* in the Northwest of the Iberian Peninsula. *Plant Breeding*, 109(4), 313–319. <https://doi.org/10.1111/j.1439-0523.1992.tb00190.x>
- Gill-Langarica, H., Muruaga-Martínez, J., Vargas-Vázquez, M., Rosales-Serna, R. y Mayek-Pérez, N. 2011. Genetic diversity analysis of common beans based on molecular markers. *Genetics and Molecular Biology*, 34(4), 595–605. <https://doi.org/10.1590/S1415-47572011005000056>
- Gioia, T., Logozzo, G., Attene, G., Bellucci, E., Benedettelli, S., Negri, V., Papa, R. y Spagnoletti Zeuli, P. 2013. Evidence for Introduction Bottleneck and Extensive Inter-Gene Pool (Mesoamerica x Andes) Hybridization in the European Common Bean (*Phaseolus vulgaris* L.) Germplasm. *PLoS ONE*, 8(10), 1–14. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0075974>
- Gioia, T., Logozzo, G., Marzario, S., Zeuli, P. y Gepts, P. 2019. Evolution of SSR diversity from wild types to U.S. Advanced cultivars in the Andean and Mesoamerican domestications of common bean (*Phaseolus vulgaris*). *PLoS ONE*, 14(1), 1–21. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0211342>
- Gómez, O., Blair, M., Frankow-Lindberg, B. y Gullberg, U. 2004. Molecular and phenotypic diversity of common bean landraces from Nicaragua. *Crop Science*, 44(4), 1412–1418. <https://doi.org/10.2135/cropsci2004.1412>
- González-Santos, R., Hernandez-Sandoval, L., Hernández-Puente, K. y Paczka, R. 2024. Distribución y caracterización ecogeográfica de maíces nativos de Querétaro, México. 46. 341-348. 10.35196/rfm.2023.4.341.
- Gonzalez-Wallace, M. 1979. *Determinación de características fenotípicas relacionadas con el potencial de rendimiento de la planta de frijol (Phaseolus vulgaris L.)*. Tesis para optar al título de Ingeniero agrónomo. Pontificia Universidad Católica de Chile.
- Goossens, A.; Quintero, C.; Dillen, W.; De Rycke, R.; Valor, J.F.; De Clercq, J.; Van Montagu, M.; Cardona, C. y Angenon, G. 2000. Analysis of bruchid resistance in the wild common bean accession G02771: No evidence for insecticidal activity of arcelin 5. *J. Exp. Bot.* 51:1229–1236.
- Gotelli, N. y Ellison, A. 2004. *A primer of ecological statistics*. Sinauer Associates Publishers.
- Graur, D. y Wen-Hsiung, R. 2000. *Fundamentals of Molecular Evolution*. Sinauer Associates Inc. USA.
- Greene, S. y Hart, T. 1999. Implementing Geographic Analysis in Germplasm Conservation. In *Linking Genetic Resources and Geography: Emerging Strategies for Conserving and Using Crop Biodiversity* (pp. 25–38). <https://doi.org/doi:10.2135/cssaspecpub27.c2>
- Guarino, L., Jarvis, A., Hijmans, R. y Maxted, N. 2008. *Geographic Information Systems (GIS) and the Conservation and Use of Plant Genetic Resources*.
- Gutiérrez, A. 1980. *Estado actual del mejoramiento por arquitectura en el frijol arbustivo* (p. 5). Seminarios internos CIAT. Serie 2.
- Gutiérrez-Rodríguez, M., Escalante-Estrada, J. y Rodríguez-Gonzalez, M. 2005. Canopy Reflectance, Stomatal Conductance, and Yield of *Phaseolus vulgaris* L. and *Phaseolus coccineus* L. Under Saline Field Conditions. *International Journal of Agriculture & Biology*, 7(2), 491–494. http://www.fspublishers.org/ijab/past-issues/IJABVOL_7_NO_3/37.pdf
- Guzmán-Maldonado, S.; Acosta-Gallegos, J. y Paredes-López, O. 2000. Protein characteristics

- and mineral contents of a novel collection of wild and weedy common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). *J. Sci. Food Agric.* 80:1874–1881.
- Hampton, J., Spencer, P., Alpers, D., Twigg, L., Woolnough, A., Doust, J., Higgs, T. y Pluske, J. 2004. Molecular techniques, wildlife management and the importance of genetic population structure and dispersal: A case study with feral pigs. *Journal of Applied Ecology*, 41, 735–743. <https://doi.org/10.1111/j.0021-8901.2004.00936.x>
- Hanai, L., Santini, L., Aranha Camargo, L., Pelegrinelli Fungaro, M., Gepts, P., Tsai, S. y Carneiro Vieira, M. 2010. Extension of the core map of common bean with EST-SSR, RGA, AFLP, and putative functional markers. *Molecular Breeding*, 25(1), 25–45. <https://doi.org/10.1007/s11032-009-9306-7>
- Hayano-Kanashiro, C., Martínez de la Vega, O., Reyes-Valdés, M. H., Pons-Hernández, J.-L., Hernández-Godinez, F., Alfaro-Laguna, E., Herrera-Ayala, J. L., Vega-Sánchez, M. C., Carrera-Valtierra, J. A. y Simpson, J. 2017. An SSR-based approach incorporating a novel algorithm for identification of rare maize genotypes facilitates criteria for landrace conservation in Mexico. *Ecology and Evolution*, 7(6), 1680–1690. <https://doi.org/10.1002/ece3.2754>
- Hedrick, P. 2000. *Genetics of Populations*. Jones & Barlett Publ. Sudbury MA.
- Hernández-López, V., Vargas-Vázquez, M., Muruaga-Martínez, J., Hernández-Delgado, S. y Mayek-Pérez, N. 2013. Origen, domesticación y diversificación del frijol común: Avances y perspectivas. *Revista fitotecnia mexicana*, 36(2), 95-104.
- Hernández-Verdugo, S., Porras, F., Pacheco-Olvera, A., López-España, R. G., Villarreal Romero, M., Parra Terraza, S. y Osuna-Enciso, T. 1996. Characterization and ecogeographical variation of wild pepper populations (*Capsicum annum* var. *glabriusculum*) from northwestern Mexico. *Polibotánica*, 33, 175–191.
- Hidalgo, R. 2003. Variabilidad genética y caracterización de especies vegetales. In T. Franco y R. Hidalgo (Eds.), *Análisis estadístico de datos de caracterización morfológica de recursos fitogenéticos*. Boletín técnico No. 8. (p. 89). Instituto Internacional de Recursos Fitogenéticos (IPGRI). Cali, Colombia.
- Hijmans, R., Guarino, L., Cruz, M. y Rojas, E. 2001. Herramientas informáticas para el análisis espacial de datos de recursos fitogenéticos: 1. DIVA-GIS.
- Hillis, D. y Wiens, J. 2000. Molecules versus morphology in systematics. In J. Wiens (Ed.), *Phylogenetic analysis of morphological data* (pp. 1–19). Smithsonian Institution Press. Washington. USA.
- Hoc, P., Espert, S., Drewes, S. y Burghardt, A. 2006. Hybridization between wild and domesticated types of *Phaseolus vulgaris* L. (Fabaceae) in Argentina. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 53(2), 331–337. <https://doi.org/10.1007/s10722-004-1231-3>
- Hoc, P., Menéndez-Sevillano, M., Espert, S. y Burghardt, A. 2001. Variabilidad en poblaciones silvestres de *Phaseolus vulgaris* L. (Fabaceae). *XXVIII Jornadas Argentinas de Botánica*.
- Huang, X., Börner, A., Röder, M. y Ganai, M. 2002. Assessing genetic diversity of wheat (*Triticum aestivum* L.) germplasm using microsatellite markers. *Theoretical and Applied Genetics*, 105(5), 699–707. <https://doi.org/10.1007/s00122-002-0959-4>
- HWSD. Harmonized world soil database. (<http://webarchive.iiasa.ac.at/Research/LUC/External-World-soil-database/HTML/>). FAO/IIASA/ISRIC/ISSCAS/JRC. 2012. Harmonized World Soil Database (version 1.2). FAO, Rome, Italy and IIASA, Laxenburg, Austria.
- Hycka, M. 1975. Flora espontánea o cultivada como material de partida para la selección y mejora de especies pratenses y forrajeras. *Anal. Inst. Bot. Cavanilles.*, 32, 1385-1396.
- Ibarra-Pérez, F., Ehdaie, B. y Waines, J. 1997. Estimation of Outcrossing Rate in Common Bean. *Crop Science - CROP SCI*, 37.

- <https://doi.org/10.2135/cropsci1997.0011183X003700010009x>
- IBPGR. International Board for Plant Genetic Resources. Descriptor for *Phaseolus vulgaris*. 1982. (p. 37). AGPR: International Board for Plant Genetic Resources 81.
- IGN. Instituto Geográfico Nacional de la República Argentina. s.f. Argentina. Mapa de Argentina. Descargado el 26 de setiembre de 2024 <https://www.ign.gov.ar/NuestrasActividades/InformacionGeoespacial/CapasSIG>.
- IGN. Instituto Geográfico Nacional de la República Argentina. s.f. Argentina. Mapas de la provincia de Salta. Descargado el 02 de octubre de 2024 <https://www.ign.gov.ar/AreaServicios/Descargas/MapasProvinciales>. Bajo licencia <http://creativecommons.org/licenses/by-sa/4.0/>
- IGN. Instituto Geográfico Nacional de la República Argentina. s.f. Argentina. Mapa político del continente americano. Descargado el 05 de setiembre de 2025 <https://www.ign.gov.ar/AreaServicios/Descargas/MapasEscolares>. Bajo licencia <http://creativecommons.org/licenses/by-sa/4.0/>
- Islam, F., Beebe, S., Muñoz, M., Tohme, J., Redden, R. y Basford, K. 2004. Using molecular markers to assess the effect of introgression on quantitative attributes of common bean in the Andean gene pool. *Theoretical and Applied Genetics*, 108(2), 243–252. <https://doi.org/10.1007/s00122-003-1437-3>
- Jalil, A. C. 2022. Estimación de daños de enfermedades foliares en *Phaseolus vulgaris* a través de variables derivadas del área foliar sana, para optimizar la toma de decisión en el manejo sustentable de productos químicos. Tesis para obtener el grado de Doctor de la Universidad de Buenos Aires en el área de Ciencias Agropecuarias otorgado por la Universidad de Buenos Aires. Facultad de Agronomía. Escuela para Graduados.
- Jarvis, A., Yeaman, S., Guarino, L. y Tohme, J. 2005. The Role of Geographic Analysis in Locating, Understanding, and Using Plant Genetic Diversity. In *Molecular Evolution: Producing the Biochemical Data* (Vol. 395, pp. 279–298). Academic Press. [https://doi.org/https://doi.org/10.1016/S0076-6879\(05\)95017-9](https://doi.org/https://doi.org/10.1016/S0076-6879(05)95017-9)
- Jomova, K. y Kraic, J. 2009. Enrichment of Chickpea Genetic Resources Collection Monitored by Microsatellites. *Czech Journal of Genetics and Plant Breeding*, 45. <https://doi.org/10.17221/49/2008-CJGPB>
- Kami, J., Velasquez, V., Debouck, D. y Gepts, P. 1995. Identification of Presumed Ancestral DNA Sequences of Phaseolin in *Phaseolus vulgaris*. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 92, 1101–1104. <https://doi.org/10.1073/pnas.92.4.1101>
- Kaplan, L. 1981. What is the origin of common bean? *Econ. Bot.*, 35, 240–2254.
- Kaplan, L., Lynch, T. y Smith, C. 1973. Early Cultivated Beans (*Phaseolus vulgaris*) from an Intermontane Peruvian Valley. *Science*, 179(4068), 76 LP – 77. <https://doi.org/10.1126/science.179.4068.76>
- Kaufmann, L. y Rousseeuw, P. 1987. Clustering by Means of Medoids. *Data Analysis Based on the L1-Norm and Related Methods*, 405–416.
- Kelly, J. D. y Bliss, F. A. 1975. Quality Factors Affecting the Nutritive Value of Bean Seed Protein1. *Crop Science*, 15(6), cropsci1975.0011183X001500060005x. <https://doi.org/10.2135/cropsci1975.0011183X001500060005x>
- Kimura, M. y Crow, J. F. 1964. The number of alleles that can be maintained in a finite population. *Genetics*, 49(4), 725 LP – 738.
- King, L. y Schaal, B. 1989. Ribosomal-DNA variation and distribution in *Rudbeckia missouriensis*. *Evolution; International Journal of Organic Evolution*, 43(5), 1117–1119. <https://doi.org/10.1111/j.1558-5646.1989.tb02557.x>

- Koenig, R. y Gepts, P. 1989. Allozyme diversity in wild *Phaseolus vulgaris*: further evidence for two major centers of genetic diversity. *Theoretical and Applied Genetics*, 78(6), 809–817. <https://doi.org/10.1007/BF00266663>
- Koenig, R., Singh, S. y Gepts, P. 1990. Novel Phaseolin types in wild and cultivated common bean (*Phaseolus vulgaris*, Fabaceae). *Economic Botany*, 44(1), 50–60. <https://doi.org/10.1007/BF02861066>
- Koinange, E., Singh, S. y Gepts, P. 1996. Genetic control of the domestication syndrome in common bean. *Crop Science*, 36(4), 1037–1045. <https://doi.org/10.2135/cropsci1996.0011183X003600040037x>
- Kornegay, J. y Cardona, C. 1991. Inheritance of resistance to *Acanthocelides obtectus* in a wild common bean accession crossed to commercial bean cultivars. *Euphytica* 52:103–111.
- Kozak, K., Graham, C. y Wiens, J. 2008. Integrating GIS-based environmental data into evolutionary biology. *Trends in Ecology and Evolution*, 23(3), 141–148. <https://doi.org/10.1016/j.tree.2008.02.001>
- Kuzay, S., Hamilton-Conaty, P., Palkovic, A. y Gepts, P. 2019. Is the USDA core collection of common bean representative of genetic diversity of the species, as assessed by SNP diversity? *Crop Science*, n/a(n/a). <https://doi.org/10.1002/csc2.20032>
- Kwak, M. y Gepts, P. 2009. Structure of genetic diversity in the two major gene pools of common bean (*Phaseolus vulgaris* L., Fabaceae). *Theoretical and Applied Genetics*, 118(5), 979–992. <https://doi.org/10.1007/s00122-008-0955-4>
- Kwak, M., Kami, J. y Gepts, P. 2009. The putative mesoamerican domestication center of *Phaseolus vulgaris* is located in the Lerma-Santiago basin of Mexico. *Crop Science*, 49(2), 554–563. <https://doi.org/10.2135/cropsci2008.07.0421>
- Lázaro, A., Villar, B., Aceituno-Mata, L., Tardío, J. y De la Rosa, L. 2013. The Sierra Norte of Madrid: An agrobiodiversity refuge for common bean landraces. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 60, 1641–1654. <https://doi.org/10.1007/s10722-012-9946-z>
- Lee, M. 1995. DNA Markers and Plant Breeding Programs (D. L. B. T.-A. in A. Sparks (Ed.); Vol. 55, pp. 265–344). Academic Press. [https://doi.org/https://doi.org/10.1016/S0065-2113\(08\)60542-8](https://doi.org/https://doi.org/10.1016/S0065-2113(08)60542-8)
- Lentini, Z., Debouck, D., Espinoza, A. y Arya, R. 2006. Gene flow analysis into wild/weedy relatives from crops with center of origin/diversity in tropical America. *Proceedings of the 9th International Symposium on Biosafety of Genetically Modified Organisms (ISBGMO), Jeju Island, South Korea*, 152–156.
- Liu, K. y Muse, S. 2005. PowerMaker: An integrated analysis environment for genetic marker analysis. *Bioinformatics* (Oxford, England), 21, 2128–2129. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/bti282>
- Liviero, L., Maestri, E., Gulli, M., Nevo, E. y Marmioli, N. 2002. Ecogeographic adaptation and genetic variation in wild barley, Application of molecular markers targeted to environmentally regulated genes. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 49(2), 133–144. <https://doi.org/10.1023/A:1014792509087>
- Lobo, J., Castro, I. y Moreno, J. 2001. Spatial and environmental determinants of vascular plant species richness distribution in the Iberian Peninsula and Balearic Islands. *Biological Journal of the Linnean Society*, 73(2), 233–253. <https://doi.org/https://doi.org/10.1006/bijl.2001.0543>
- Lowe, A., Hanotte, O. y Guarino, L. 1996. Standardization of molecular genetic techniques for the characterization of germplasm collection: the case of random amplified polymorphic DNA (RAPD). *Plant Genetic Resources Newsletter*, 107, 50–54.
- Lu, Y. H., D'Hont, A., Walker, D. I. T., Rao, P. S., Feldmann, P., y Glaszmann, J. C. 1994.

- Relationships among ancestral species of sugarcane revealed with RFLP using single copy maize nuclear probes. *Euphytica*, 78(1), 7–18. <https://doi.org/10.1007/BF00021393>
- MAGyP. Ministerio de Ambiente, Ganadería y Pesca. 2021. Producción de legumbres en Argentina. Dirección de Producción Agrícola, Subsecretaría de Agricultura Secretaría de Agricultura, Ganadería y Pesca. https://www.argentina.gob.ar/sites/default/files/magyp_informe_legumbres_julio_2021.pdf. Consulta: enero de 2024.
- Mantel, N. 1967. The detection of disease clustering and a generalized regression approach. *Cancer Res.*, 27, 209-220.
- MAPA. 1984. *Una fuente de proteínas: alubias, garbanzos y lentejas*. Ministerio de Agricultura, Pesca y Alimentación. Dirección General de Política Alimentaria. España
- Marchand, D. 1973. Edaphic Control of Plant Distribution in the White Mountains, Eastern California. *Ecology*, 54(2), 233–250. <https://doi.org/10.2307/1934334>
- Marinoni, L., Bortoluzzi, A., Parra-Quijano, M., Zabala, J. y Pensiero, J. 2015. Evaluation and improvement of the ecogeographical representativeness of a collection of the genus *Trichloris* in Argentina. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 62(4), 593–604. <https://doi.org/10.1007/s10722-014-0184-4>
- Mascher, M., Schreiber, M., Scholz, U., Graner, A., Reif, J. y Stein, N. 2019. Genebank genomics bridges the gap between the conservation of crop diversity and plant breeding. *Nat Genet* 51, 1076–1081. <https://doi.org/10.1038/s41588-019-0443-6>
- McClellan, P., Terpstra, J., McConnell, M., White, C., Lee, R. y Mamidi, S. 2012. Population structure and genetic differentiation among the USDA common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) core collection. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 59(4), 499–515. <https://doi.org/10.1007/s10722-011-9699-0>
- McClellan, P.E., Lee R.K y Miklas, P.N. 2004. Sequence Diversity Analysis of Dihydroflavanol Reductase Intron I in Common Bean, *Genome* 47:266-280.
- Menéndez-Sevillano, M. 2002. Estudio y conservación del germoplasma silvestre y primitivo de *Phaseolus vulgaris* L. en el noroeste de Argentina. Tesis Doctoral. Santiago de Compostela. España.
- Menéndez-Sevillano, M. C., Palacios, R., Zallocchi, E.M. y Brizuela, M.M. 1998. *Phaseolus vulgaris* l (Fabaceae): Estudio de poblaciones silvestres argentinas. *Agrociencia* V 32, Nº2: 131-137.
- Menéndez-Sevillano, M., Ferreyra, M., Sühring, S., Ibarra, L. y Molas, M. 2009. Flujo génico en poblaciones de poroto silvestre (*Phaseolus vulgaris* var. *aborigineus*) del noroeste argentino. XXXII Jornadas Argentinas de Botánica.
- Meza-Linares, N. 2014. Biodiversidad de frijol (*Phaseolus vulgaris* L.) en Honduras. Caracterización agromorfológica, molecular y ecogeográfica. In Universidad Politécnica de Madrid. <https://doi.org/10.4324/9781315853178>
- Michalakis, Y. y Excoffier, L. 1996. A generic estimation of population subdivision using distances between alleles with special interest to microsatellite loci. *Genetics*, 142: 1061-1064. *Genetics*, 142, 1061–1064.
- Moreira, A. 1996. Los Sistemas de Información Geográfica y sus aplicaciones en la conservación de la diversidad biológica. *Ambiente y Desarrollo*, XII(2), 80–86.
- Morello, J., Matteucci, S., Rodríguez, A. y Silva, M. 2012. *Ecorregiones y complejos ecosistémicos argentinos*. Ed: Orientación Gráfica Editora.
- Moreno, Y., Melgarejo, L. M., Hernández, M. S., Quintero, L. y Vargas, G. 2004. Caracterización molecular de un banco de germoplasma del género *Theobroma* mediante la técnica RAPD*. *Revista Colombiana de Biotecnología*; Vol. 6, Núm. 2 (2004).

- <https://revistas.unal.edu.co/index.php/biotecnologia/article/view/533>
- Mumba, L. y Galwey, N. 1998. Compatibility of crosses between gene pools and evolutionary classes in the common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). *Genetic Resources and Crop Evolution*, 45(1), 69–80. <https://doi.org/10.1023/A:1008617527136>
- Naranjo-Quinaluisa, E. J., Tapia-Bastidas, C. G., Velázquez-Feria, R. J., Cruz-Pérez, Y., Delgado-Pilla, A. H., Borja-Borja, E. J. y Paredes-Andrade, N. J. 2018. Caracterización Eco-geográfica de melloco (*Ullucus tuberosus* C.) En la Región Alto Andina del Ecuador. La Técnica: Revista de Las Agrociencias. ISSN 2477-8982, 19, 31. https://doi.org/10.33936/la_tecnica.v0i19.953
- Ndlangamandla, V.V, y Ntuli, N.R. 2022. Morpho-agronomic and genetic variation among *Phaseolus vulgaris* landraces from selected provinces of South Africa. *J. Crop Sci. Biotechnol.* 25 , 103–122 (2022). <https://doi.org/10.1007/s12892-021-00116-2>
- Nichols, W., Killingbeck, K. y August, P. 2009. *The on Inilience Biodiversity of Geomorphological Heterogeneity Perspective Landscape.* 12(2), 371–379.
- Nogués-Bravo, D. 2013. El estudio de la distribución espacial en la biodiversidad: concepto y métodos. Cuadernos de investigación geográfica, ISSN 0211-6820, N° 29, 2003, pags. 67-82. 29. <https://doi.org/10.18172/cig.1059>
- Olea, I., Vinciguerra, F., Sabaté, S., Devani, L., Vargas, P. y Ramos, M. 2016. Manejo de malezas en el cultivo de poroto en el NOA en O. Vizgarra Editor (Ed.)Manual técnico del cultivo de poroto para el Noroeste Argentino. (1ra ed. pp.109-135). Estación Experimental Agroindustrial Obispo Colombres).
- Olmedilla-Alonso, B., Farré-Rovira, R., Asensio, C. y Pedrosa, M. 2010. Papel de las leguminosas en la alimentación actual. *Actividad Dietética.* 14. 72-76. [10.1016/S1138-0322\(10\)70014-6](https://doi.org/10.1016/S1138-0322(10)70014-6).
- Osborn, T.; Alexander, D., Sun, S.; Cardona, C. y Bliss, F. 1988. Insecticidal Activity and Lectin Homology of Arcelin Seed Protein. *Science.* 240. 207-210. [10.1126/science.240.4849.207](https://doi.org/10.1126/science.240.4849.207).
- Özkan, G., Haliloğlu, K., Türkoğlu, A., Öztürk H., Elkoca, E. y Poczai, P. 2022. Determining genetic diversity and population structure of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) landraces from Türkiye using SSR Markers .*Genes* 13, no. 8: 1410. <https://doi.org/10.3390/genes13081410>
- Pachico, D. 1989. Trends in world common bean production. In H. Schwartz y M. Pastor Corrales (Eds.), *Bean Production Problems in the Tropics* (2da. Edici). CIAT.Cali, Colombia.
- Page, R. 1996. TREEVIEW: an application to display phylogenetic trees on personal computers. *Computational and Applied Biosciences Journal* 12, 357-358.
- Pan, Y., Burner, D., Legendre, B., Grisham, M., y White, W. 2004. An assessment of the genetic diversity within a collection of *Saccharum spontaneum* L. with RAPD-PCR. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 51(1), 895–903.
- Papa, R. y Gepts, P. 2003. Asymmetry of gene flow and differential geographical structure of molecular diversity in wild and domesticated common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) from Mesoamerica. *Theoretical and Applied Genetics*, 106(2), 239–250. <https://doi.org/10.1007/s00122-002-1085-z>
- Papa, R., Bellucci, E., Rossi, M., Leonardi, S., Rau, D., Gepts, P., Nanni, L. y Attene, G. 2007. Tagging the signatures of domestication in common bean (*Phaseolus vulgaris*) by means of pooled DNA samples. *Annals of Botany*, 100(5), 1039–1051. <https://doi.org/10.1093/aob/mcm151>
- Parodi, L. 1933. Notas preliminares sobre Plantas Sudamericanas Cultivadas en la Provincia de Jujuy. *Gaea. Anales de La Sociedad Argentina de Estudios Geográficos*, IV(1), 19–28.

- Parodi, L. 1966. *La agricultura aborígen en la Argentina*. EUDEBA. 47 pp
- Parra-Quijano, M., Draper, D., Torres, E. e Iriondo, J. 2008. Ecogeographical representativeness in crop wild relative ex situ collections. In N. Maxted, B. Ford-Lloyd, S. Kell, J. Iriondo, M. Dulloo, y J. Turok (Eds.), *Crop wild relative conservation and use* (pp. 249–273). CAB International, Wallingford.
- Parra-Quijano, M., Iriondo, J. y Torres, E. 2012a. Ecogeographical land characterization maps as a tool for assessing plant adaptation and their implications in agrobiodiversity studies. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 59(2), 205–217. <https://doi.org/10.1007/s10722-011-9676-7>
- Parra-Quijano, M., Iriondo, J. y Torres, E. 2012b. Improving representativeness of genebank collections through species distribution models, gap analysis and ecogeographical maps. *Biodiversity and Conservation*, 21(1), 79–96. <https://doi.org/10.1007/s10531-011-0167-0>
- Parra-Quijano, M., Iriondo, J. y Torres, E. 2012c. Review. Applications of ecogeography and geographic information systems in conservation and utilization of plant genetic resources. *Spanish Journal of Agricultural Research*, 10(2), 419. <https://doi.org/10.5424/sjar/2012102-303-11>
- Parra-Quijano, M., Iriondo, J., Torres, E., López, F., Phillips, J. y Kell, S. 2022. CAPFITOGEN3: una caja de herramientas para la conservación y promoción del uso de la biodiversidad agrícola. Primera edición. Bogotá. Universidad Nacional de Colombia. Facultad de Ciencias Agrarias.
- Parra-Quijano, M., Iriondo, J., Torres, E., y López, F. 2014. Herramientas CAPFITOGEN - Programa para el Fortalecimiento de las Capacidades en Programas Nacionales de Recursos Fitogenéticos de América Latina.
- Patto-Ramalho, M. 1979. Correlações genéticas e fenotípicas entre caracteres do feijão (*Phaseolus vulgaris* L.). *Cienc. Prat. Lavras.*, 3, 63–70.
- Payró De La Cruz, E., Gepts, P., GarcíaMarín, P. y Zizumbo-Villarreal, D. 2005. Spatial distribution of genetic diversity in wild populations of *Phaseolus vulgaris* L. from Guanajuato and Michoacán, Mééxico. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 52(5), 589–599. <https://doi.org/10.1007/s10722-004-6125-x>
- Peakall, R. y Smouse, P. E. 2012. GenALEX 6.5: Genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research-an update. *Bioinformatics*, 28(19), 2537–2539. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/bts460>
- Pearson, R. 2007. Species' Distribution Modeling for Conservation Educators and Practitioners. Synthesis. *American Museum of Natural History*, 3(98210), 1–50.
- Pearson, W., Robins, G. y Zhang, T. 1999. Generalized neighbor-joining: More reliable phylogenetic tree reconstruction. *Molecular Biology and Evolution*, 16(6), 806–816. <https://doi.org/10.1093/oxfordjournals.molbev.a026165>
- Peeters, J., Wilkes, H. y Galwey, N. 1990. The use of ecogeographical data in the exploitation of variation from gene banks. *Theoretical and Applied Genetics*, 80(1), 110–112. <https://doi.org/10.1007/BF00224023>
- Pereira, H., Mota, A., Rodrigues, L., de Souza, T. y Melo, L. 2019. Genetic diversity among common bean cultivars based on agronomic traits and molecular markers and application to recommendation of parent lines. *Euphytica*, 215(2). <https://doi.org/10.1007/s10681-018-2324-y>
- Pérez de la Vega, M. 1996. Plant genetic adaptedness to climatic and edaphic environment. *Euphytica*, 92(1), 27–38. <https://doi.org/10.1007/BF00022825>
- Periago, M. E., Chillo, V. y Ojeda, R. A.. 2015. Loss of mammalian species from the South American Gran Chaco: empty savanna syndrome? *Mammal Rev* 45:41-53.

- Pipan, B. y Meglič, V. 2019. Diversification and genetic structure of the western-to-eastern progression of European *Phaseolus vulgaris* L. germplasm. *BMC Plant Biology*, 19(1), 1–16. <https://doi.org/10.1186/s12870-019-2051-0>
- Ploper, D., González, V., Díaz, C. y Vizgarra, O. 2016. Enfermedades del proto causadas por hongos, bacterias y agentes no infecciosos en O. Vizgarra Editor (Ed.) Manual técnico del cultivo de poroto para el Noroeste Argentino. (1ra ed. pp.109-135). Estación Experimental Agroindustrial Obispo Colombes).
- Ploper, L. D., González, V. d. V., Rodríguez-Pardina, P., Díaz, C. G., y Vizgarra, O. N. 2024. Enfermedades del Poroto. En: Enfermedades de las hortalizas en Argentina: Tomo I / Editores: Delhey R, Ridaio AC, Rivera MC y Wolcan SM. - 1a ed. -Asociación Argentina de Fitopatólogos, 2024. p. 317-350.
- Primack, R. B. 2002. *Essentials of Conservation Biology*. Third edition. Sinauer Associates, Sunderland, Massachusetts, Estados Unidos.
- Pritchard, J., Stephens, M. y Donnelly, P. 2000. Inference of Population Structure Using Multilocus Genotype Data. *Genetics*, 155(2), 945 LP – 959.
- Pritchard, J., Wen, X. y Falush, D. 2010. Software For Inferring Population Structure. http://pritch.bsd.uchicago.edu/structure_software/release_versions/v2.3.4/html/structure.html
- Puerta-Romero, J. 1961. Variedades de judía cultivadas en España. Nueva clasificación de la especie *Phaseolus vulgaris* L. Savi. Monografías INIA 11. Madrid.
- Quarta, R., Dettori, M., Verde, I., Marchesi, U. y Palombi, M. 2001. Characterization and evaluation of genetic diversity in peach germplasm using rapd and rflp markers. *Acta Hortic.* 546, 489-496. DOI: 10.17660/ActaHortic.2001.546.67. <https://doi.org/10.17660/ActaHortic.2001.546.67>
- Ramalho, M. A. P.; A. de F. B. Abreu y J. B. Santos. 1998. Interações genótipos x épocas de sementeira, anos e locais na avaliação de cultivares de feijão nas Regiões Sul e Alto Paranaíba em Minas Gerais. *Ciênc. Agrotec.* 22 (2): 176-181.
- Ramu, P., Billot, C., Rami, J.-F., Senthilvel, S., Upadhyaya, H. D., Ananda Reddy, L. y Hash, C. T. 2013. Assessment of genetic diversity in the sorghum reference set using EST-SSR markers. *Theoretical and Applied Genetics*, 126(8), 2051–2064. <https://doi.org/10.1007/s00122-013-2117-6>
- Rao, N., Hanson, J., Dullo, M., Ghoh, K., Novell, D. y Larinde, M. 2007. *Manuales para el manejo de bancos de germoplasma No.8*. Bioversity International, Roma. *Manuales para el manejo de bancos de germoplasma No.8*. Bioversity International, Roma.
- Rendón-Anaya, M., Montero-Vargas, J., Saburido-Álvarez, S., Vlasova, A., Capella-Gutierrez, S., Ordaz-Ortiz, J., Aguilar, O., Vianello-Brondani, R., Santalla, M., Delaye, L., Gabaldón, T., Gepts, P., Winkler, R., Guigó, R., Delgado-Salinas, A. y Herrera-Estrella, A. 2017. Genomic history of the origin and domestication of common bean unveils its closest sister species. *Genome Biology*, 18(1), 1–17. <https://doi.org/10.1186/s13059-017-1190-6>
- Rodiño, A. 2000. Caracterización morfoagronómica y bioquímica de germoplasma de judía común (*Phaseolus vulgaris* L.) de España. Tesis doctoral. Universidad de Santiago de Compostela. España.
- Rohlf, F. 2009. NTSYS-pc : numerical taxonomy and multivariate analysis system. Applied Biostatistics, Inc. : Exeter Software.
- Roncallo, P. F., Beaufort, V., Larsen, A. O., Dreisigacker, S. y Echenique, V. 2019. Genetic diversity and linkage disequilibrium using SNP (KASP) and AFLP markers in a worldwide durum wheat (*Triticum turgidum* L. var durum) collection. *PLoS One*, 14(6), e0218562–e0218562. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0218562>

- Rossi, M., Bitocchi, E., Bellucci, E., Nanni, L., Rau, D., Attene, G. y Papa, R. 2009. Linkage disequilibrium and population structure in wild and domesticated populations of *Phaseolus vulgaris* L. *Evolutionary Applications*, 2(4), 504–522. <https://doi.org/10.1111/j.1752-4571.2009.00082.x>
- Saitou, N. y Nei, M. 1987. The neighbor-joining method: a new method for reconstructing phylogenetic trees. *Molecular Biology and Evolution*, 4(4), 406–425. <https://doi.org/10.1093/oxfordjournals.molbev.a040454>
- Šajgalík, M., Ondreicková, K., Hauptvogel, P., Mihálik, D., Glasa, M. y Kraic, J. 2019. Higher effectiveness of new common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) germplasm acquisition by collecting expeditions associated with molecular analyses. *Sustainability (Switzerland)*, 11(19). <https://doi.org/10.3390/su11195270>
- Salinas-Ramírez, N., Escalante-Estrada, J., Rodríguez-González, M. y Sosa-Montes, E. 2012. Rendimiento y calidad nutrimental de frijol ejotero en dos ambientes. *Revista fitotecnia mexicana*, 35(4), 317-323.
- Sánchez, M. 2017. Estudio de la variabilidad genética en accesiones de papa (*Solanum tuberosum* L.) mediante marcadores SSRs. *Ciencia y Agricultura*, 14(2), 67–76. <https://doi.org/10.19053/01228420.v14.n2.2017.7150>
- Santalla, M., de Ron, A. y Casquero, P. 1995. Nutritional and culinary quality of bush bean populations intercropped with maize. *Euphytica*, 84(1), 57–65. <https://doi.org/10.1007/BF01677557>
- Santalla, M., de Ron, A. y de La Fuente, M. 2010. Integration of genome and phenotypic scanning gives evidence of genetic structure in Mesoamerican common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) landraces from the southwest of Europe. *Theoretical and Applied Genetics*, 120(8), 1635–1651. <https://doi.org/10.1007/s00122-010-1282-0>
- Santalla, M., Menéndez-Sevillano, M., Monteagudo, A. y De Ron, A. 2004. Genetic diversity of Argentinean common bean and its evolution during domestication. *Euphytica*, 135(1), 75–87. <https://doi.org/10.1023/B:EUPH.0000009543.46471.72>
- Savić, A., Pipan, B., Vasić, M. y Meglič, V. 2021. Genetic diversity of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) germplasm from Serbia, as revealed by single sequence repeats (SSR). *Scientia Horticulturae*, 288, 110405.
- Schloss, S., Mitchell, S., White, G., Kukatla, R., Bowers, J., Paterson, A. y Kresovich, S. 2002. Characterization of RFLP probe sequences for gene discovery and SSR development in *Sorghum bicolor* (L.) Moench. *Theoretical and Applied Genetics*, 105(6–7), 912–920. <https://doi.org/10.1007/s00122-002-0991-4>
- Schmutz, J., McClean, P., Mamidi, S., Wu, G., Cannon, S., Grimwood, J., Jackson, S. 2014. A reference genome for common bean and genome-wide analysis of dual domestications. *Nature Genetics*, 46(7), 707–713. [doi:10.1038/ng.3008](https://doi.org/10.1038/ng.3008)
- Schneider, D., Kueffer, J., Roessli, D. y Excoffier, L. 2002. Arlequin: a software package for population genetic data analysis.
- Schoonhoven, A. y Voyses, O. 1989. Common beans in Latin America and their constraints. In *CIAT. Bean Production Problems in the Tropics* (pp. 33–58). Cali, Colombia.
- Schulthess, A., Kale, S., Liu, F., Zhao, Y., Philipp, N., Rembe, M., Jiang, Y., Beukert, U., Serfling, A., Himmelbach, A., Fuchs, J., Oppermann, M., Weise, S., Boeven, P., Schacht, J., Longin, F., Kollers, S., Pfeiffer, N., Korzun, V. y Reif, J. 2022. Genomics-informed prebreeding unlocks the diversity in genebanks for wheat improvement. *Nature Genetics*. 54. 1-9. [10.1038/s41588-022-01189-7](https://doi.org/10.1038/s41588-022-01189-7).
- Sharma, P., Díaz, L. y Blair, M. 2013. Genetic diversity of two Indian common bean germplasm collections based on morphological and microsatellite markers. *Plant Genetic Resources:*

- Characterisation and Utilisation*, 11(2), 121–130.
<https://doi.org/10.1017/S1479262112000469>
- Singh, S. 1988. Gene pools in cultivated dry bean. *Ann. Rep. Bean Improv. Coop.*, 31, 180–182.
- Singh, S. 1989. Patterns of variation in cultivated common bean (*Phaseolus vulgaris*, Fabaceae). *Economic Botany*, 43(1), 39–57. <https://doi.org/10.1007/BF02859324>
- Singh, S. 1991. Common Bean: Research for crop improvement. C.A.B. International, 383–443.
- Singh, S. 1992. Common bean improvement in the tropics. *Plant. Breed. Rev.* 110:199-269.
- Singh, S. 1999. *Production and Utilization* (S. Singh (Ed.); pp. 1–24). Springer Netherlands.
https://doi.org/10.1007/978-94-015-9211-6_1
- Singh, S. y Gutiérrez, J. 1984. Geographical distribution of the DL1 and DL2 genes causing hybrid dwarfism in *Phaseolus vulgaris* L., their association with seed size, and their significance to breeding. *Euphytica*, 33, 337–345.
- Singh, S. y Urrea, C. 1995. Inter-and intraracial hybridization and selection for seed yield in early generations of common bean, *Phaseolus vulgaris* L. *Euphytica*, 81(2), 131–137.
<https://doi.org/10.1007/BF00025424>
- Singh, S., Debouck, D. y Urrea, C. 1990. Variation for bracteoles and its association with races of common bean. *Ann. Report Bean Improv. Coop.*, 33, 112.
- Singh, S., Gepts, P. y Debouck, D. 1989. Races of common bean, *Phaseolus vulgaris* L. In S. Beebe (Ed.), *Current topics in breeding of common bean. Working document n°47* (pp. 15–89). CIAT. Cali, Colombia.
- Singh, S., Gepts, P. y Debouck, D. 1991a. Races of common bean (*Phaseolus vulgaris*, Fabaceae). *Economic Botany*, 45(3), 379–396. <https://doi.org/10.1007/BF02887079>
- Singh, S., Gutiérrez, J., Molina, A., Urrea, C. y Gepts, P. 1991b. Genetic Diversity in Cultivated Common Bean: II. Marker-Based Analysis of Morphological and Agronomic Traits. *Crop Science*, 31(1), 23–29. <https://doi.org/10.2135/cropsci1991.0011183x003100010005x>
- Singh, S., Nodari, R. y Gepts, P. 1991c. Genetic Diversity in Cultivated Common Bean: I. Allozymes. *Crop Science*, 31(1), 19–23.
<https://doi.org/10.2135/cropsci1991.0011183x003100010004x>
- Smartt, J. 1988. Morphological, physiological and biochemical changes in *Phaseolus* beans under domestication. In E. P. Gepts (Ed.), *Genetic resources of Phaseolus beans* (pp. 143–161). Kluwer, Dordrecht, Netherlands.
- Sotelo, A., Sousa, H. y Sanchez, M. 1995. Comparative study of the chemical composition of wild and cultivated beans (*Phaseolus vulgaris*). *Plant Foods Hum. Nutr.* 47:93–100.
- Steiner, J. y Greene, S. 1996. Proposed Ecological Descriptors and Their Utility for Plant Germplasm Collections. *Crop Science*, 36(2),
<https://doi.org/10.2135/cropsci1996.0011183X003600020037x>
- Stenglein, S. 2007. Mancha angular del poroto. variabilidad del agente etiológico phaeoisariopsis griseola y tolerancia de *Phaseolus vulgaris* var. *aborigineus*. Tesis Doctoral, Facultad de Agronomía. Universidad de Buenos Aires.
- Subsecretaría de Comercio, Gobierno de la Provincia de Salta. 2018. Perfil de mercado de poroto. En: <https://prosalta.org.ar/wp-content/uploads/2019/08/perfil-demercado-de-porotos.pdf>. Consulta: enero de 2024.
- Tanksley, S. y Mccouch, S. 1997. Seed Banks and Molecular Maps: Unlocking Genetic Potential from the Wild. *Science* (New York, N.Y.), 277, 1063–1066.
<https://doi.org/10.1126/science.277.5329.1063>
- Tarrago, M. 1980. El proceso de agriculturización en el Noroeste argentino, zona valliserrana. *Actas 5 Congreso Nacional de Arqueología Argentina*, 181–218.
- Tay, J. 2008. Leguminosas de grano seco. En: Ruiz S., Carlos, Jeldres O., Mitzi (eds.) (2008).

- Emergencias climáticas en la agricultura. Recomendaciones para la región del Bio-Bio. Chillán, Chile: Boletín INIA - Instituto de Investigaciones Agropecuarias. no. 184. Disponible en: <https://hdl.handle.net/20.500.14001/7254>
- Tobar-Piñón, M., Mafi-Moghaddam, S., Lee, R., Villatoro-Mérida, J., DeYoung, D., Reyes, B., Maredía, M., Osorno, J. y McClean, P. 2020. Genetic diversity of Guatemalan climbing bean collections. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 68(2), 639–656. [doi:10.1007/s10722-020-01013-3](https://doi.org/10.1007/s10722-020-01013-3)
- Tohme, J., Toro, O., Vargas, J. y Debouck, D. 1995. Variability in andean nuña common beans (*Phaseolus vulgaris*, Fabaceae). *Economic Botany*, 49(1), 78–95.
- Toro, O., Tohme, J. y Debouck, D. 1990. *Wild bean (Phaseolus vulgaris L.): Description and distribution*. International Board for Plant Genetic Resources (IBPGR) and Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT) Cali Colombia.
- Trucchi, E., Benazzo, A., Lari, M., Iob, A., Vai, S., Nanni, L., Bellucci, E., Bitocchi, E., Raffini, F., Xu, C., Jackson, S.A., Lema, V., Babot, P., Oliszewski, N., Gil, A., Neme, G., Michieli, C., De Lorenzi, M., Calcagnile, L., Caramelli, D., Star, B., de Boer, H., Boessenkool, S., Papa, R. y Bertorelle G. 2021. Ancient genomes reveal early Andean farmers selected common beans while preserving diversity. *Nat Plants*. 7(2):123-128. <https://doi.org/10.1038/s41477-021-00848-7>
- United States Department of Agriculture (USDA). 2024. *Phaseolus vulgaris*. Taxonomic classification level. <https://acir.aphis.usda.gov/s/cird-taxon/a0u3d000000GjmqAAC/phaseolus-vulgaris>. Consultado 12 de enero de 2024
- Urrestarazu, J., Miranda, C., Santesteban, L. y Royo, J. 2012. Genetic diversity and structure of local apple cultivars from Northeastern Spain assessed by microsatellite markers. *Tree Genetics and Genomes*, 8(6), 1163–1180. <https://doi.org/10.1007/s11295-012-0502-y>
- van Zonneveld, M., Scheldeman, X., Escribano, P., Viruel, M. A., van Damme, P., Garcia, W., Tapia, C., Romero, J., Siguéñas, M. y Hormaza, J. I. 2012. Mapping genetic diversity of cherimoya (*Annona cherimola* mill.): Application of spatial analysis for conservation and use of plant genetic resources. *PLoS ONE*, 7(1). <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0029845>
- Vanderborght, T. 1983. Evaluation of *vulgaris* wild types and woody forms. *Pl. Genet. Res. Newslett*, 54, 18–24.
- Vázquez, C.G., y Cardenas; F.R. 1992. Características físicas, tecnológicas y proteínicas de frijoles (*Phaseolus vulgaris* L.) silvestres y cultivados. (In Spanish, with English abstract.) *Arch. Latinoam. Nutr.* 42:201–209.
- Vega-Alvarez, I., Santacruz-Varela, A., Rocandio-Rodríguez, M., Córdova-Téllez, L., López-Sánchez, H., Muñoz-Orozco, A. y Hernández-Bautista, A. 2017. Genetic diversity and structure of native maize races from Northwestern Mexico . *Pesquisa Agropecuária Brasileira* (Vol. 52, pp. 1023–1032).
- Velasquez, V. y Gepts, P. 1994. RFLP diversity of common bean (*Phaseolus vulgaris*) in its centres of origin. *Genome*, 37(2), 256–263. <https://doi.org/10.1139/g94-036>
- Vidak, M., Šatović, Z., Liber, Z., Grdiša, M., Gunjača, J., Kilian, A. y Carović-Stanko, K.. 2021. Assessment of the origin and diversity of croatian common bean germplasm using phaseolin type, SSR and SNP Markers and morphological traits .*Plantas* 10, no. 4: 665. <https://doi.org/10.3390/plants10040665>
- Villegas-Castagnasso, E., Posik, D., Crespi, J. y Catanesi, C. 2021. Marcadores genéticos: Introducción al análisis y su aplicación en diversas áreas biológicas. En: *Elementos de Genética para estudiantes de Ciencias Biológicas*. Editorial de la Universidad Nacional de La Plata (EDULP).

- Vinu, V., Singh, N., Vasudev, S., Kumar Yadava, D., Kumar, S., Naresh, S., Ramachandra Bhat, S. y Vinod Prabhu, K. 2013. Assessment of genetic diversity in Brassica juncea Brassicaceae genotypes using phenotypic differences and SSR markers. *Revista de Biología Tropical* (Vol. 61, pp. 1919–1934).
- Vizgarra, O. N., Espeche, C. M. y Ploper, L. D.. 2010. Evaluación de líneas precoces de poroto negro en tres localidades del Noroeste Argentino. *Avance Agroind.* 31 (3): 35-37.
- Vizgarra, O., Beebe, S., Morales, F., Bellone, C. y Ploper L. 2012. Interacción genotipo por ambiente en cultivares de poroto para el Noroeste Argentino. *Revista Industrial y Agrícola de Tucumán* (2): 25-36.
- Vizgarra, O., y Mamaní-González, S. 2012. Poroto 2012. Manejo y recomendaciones. <http://www.eeaoc.org.ar/upload/contenido/pdf/20121221063348000000.pdf>
- Vlasova, A., Capella-Gutiérrez, S., Rendón-Anaya, M., Hernández-Oñate, M., Minoche, A.E., Erb, I., Câmara, F., Prieto-Barja, P., Corvelo, A., Sanseverino, W., Westergaard, G., Dohm, J.C., Pappas, G.J.Jr., Saburido-Alvarez, S., Kedra, D., Gonzalez, I., Cozzuto, L., Gómez-Garrido, J., Aguilar-Morón, M.A., Andreu, N., Aguilar, O.M., Garcia-Mas, J., Zehnsdorf, M., Vázquez, M.P., Delgado-Salinas, A., Delaye, L., Lowy, E., Mentaberry, A., Vianello-Brondani, R.P., García, J.L., Alioto, T., Sánchez, F., Himmelbauer, H., Santalla, M., Notredame, C., Gabaldón, T., Herrera-Estrella, A. y Guigó, R. 2016. Genome and transcriptome analysis of the Mesoamerican common bean and the role of gene duplications in establishing tissue and temporal specialization of genes. *Genome Biol.* 2016 Feb 25;17:32. [doi: 10.1186/s13059-016-0883-6](https://doi.org/10.1186/s13059-016-0883-6).
- Voysesst, O. y Dessert, M. 1991. Bean cultivars classes and commercial seed types. In A. van Schoonhoven & O. Voysesst (Eds.), *Common Bean Research for Crop Improvement*. (pp. 119–162). C.A.B. Int. Wallingford, U.K. and CIAT, Cali, Colombia.
- Wang, G., Zhou, G., Yang, L. y Li, Z. 2003. Distribution, species diversity and life-form spectra of plant communities along an altitudinal gradient in the northern slopes of Qilianshan Mountains, Gansu, China. *Plant Ecology*, 165, 169–181. <https://doi.org/10.1023/A:1022236115186>
- Wang, L., Guan, R., Zhangxiong, L., Chang, R. y Qiu, L. 2006. Genetic Diversity of Chinese Cultivated Soybean Revealed by SSR Markers. *Crop Science*, 46(3), 1032–1038. <https://doi.org/10.2135/cropsci2005.0051>
- Weir, B. 1996. *Genetic Data Analysis II. Methods for Discrete Population Genetic Data*. Oxford University Press.
- Wells, W. C., Isom, W. H. y Waines, J. G. 1988. Outcrossing Rates of Six Common Bean Lines. *Crop Science*, 28(1), [crops1988.0011183X002800010038x](https://doi.org/10.2135/cropsci1988.0011183X002800010038x). <https://doi.org/10.2135/cropsci1988.0011183X002800010038x>
- White, J. e Izquierdo, J. 1989. *Dry bean: Physiology and yield potential and stress tolerance*. (pp. 5–10). Centro Internacional de Agricultura Tropical. FAO Regional Office for Latin America and the Caribbean. Santiago, Chile.
- Williams, C., Hargrove, W., Liebman, M. y James, D. 2008. Agro-ecoregionalization of Iowa using multivariate geographical clustering. *Agriculture, Ecosystems and Environment* 123 (2008) 161–174
- Wilson, A., Carlson, S. y White, T. 1977. Biochemical evolution. *Annual Review Biochemistry*, 46, 573–639.
- Worldclim. (<http://www.worldclim.org>). Fuente de información (variables) ecogeográfica CAPFITOGEN.
- Xu, M., Melchinger, A., Xia, X. y Lübberstedt, T. 1999. High-resolution mapping of loci conferring resistance to sugarcane mosaic virus in maize using RFLP, SSR, and AFLP

- markers. *Molecular and General Genetics MGG*, 261(3), 574–581. <https://doi.org/10.1007/s004380051003>
- Xu, P., Tao, D., Hu, F., Zhou, J. y Deng, X. 2005. Interspecific hybridization of cultivated rice for breeding japonica rice in Yunnan province. *Chin J Rice Sci*, 19(1), 41–46.
- Yu, K., Park, S. J., Poysa, V. y Gepts, P. 2000. Integration of simple sequence repeat (SSR) markers into a molecular linkage map of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). *Journal of Heredity*, 91(6), 429–434. <https://doi.org/10.1093/jhered/91.6.429>
- Yu, X., Li, X., Guo, T., Zhu, C., Wu, Y., Mitchell, S., Roozeboom, K., Wang, D., Wang, M., Pederson, G., Tesso, T., Schnable, P., Bernardo, R. y Yu, J. 2016. Genomic prediction contributing to a promising global strategy to turbocharge gene banks. *Nature Plants*. [10.1038/nplants.2016.150](https://doi.org/10.1038/nplants.2016.150).
- Zeisset, I. y Beebee, T. 2001. Determination of biogeographical range: An application of molecular phylogeography to the European pool frog *Rana lessonae*. *Proceedings. Biological Sciences / The Royal Society*, 268, 933–938. <https://doi.org/10.1098/rspb.2001.1600>
- Zhang, X., Blair, M. y Wang, S. 2008. Genetic diversity of Chinese common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) landraces assessed with simple sequence repeat markers. *Theoretical and Applied Genetics*, 117(4), 629–640. <https://doi.org/10.1007/s00122-008-0807-2>
- Zhang, X., Zhang, H., Li, L., Lan, H., Ren, Z., Liu, D., Wu, L., Liu, H., Jaqueth, J., Li, B., Pan, G. y Gao, S. 2016. Characterizing the population structure and genetic diversity of maize breeding germplasm in Southwest China using genome-wide SNP markers. *BMC Genomics*, 17(1), 697. <https://doi.org/10.1186/s12864-016-3041-3>
- Zizumbo-Villarreal, D., Colunga-GarcíaMarín, P., Payró Cruz, E., Delgado-Valerio, P. y Gepts, P. 2005. Population Structure and Evolutionary Dynamics of Wild–Weedy–Domesticated Complexes of Common Bean in a Mesoamerican Region. *Crop Science*, 45(3), 1073–1083. <https://doi.org/10.2135/cropsci2004.0340>
- Zoro-Bi, I., Maquet, A. y Baudoin, J.P. 2005. Mating system of wild *Phaseolus lunatus* L. and its relationship to population size. *Heredity*, 94(2), 153–158. <https://doi.org/10.1038/sj.hdy.6800527>

INDICE DE FIGURAS

Figura 1.1. Acervos génicos de <i>P. vulgaris</i> (Adaptado de De Ron et al., 2015, Mapa del continente americano Fuente: Instituto Geográfico Nacional de la República Argentina)	2
Figura 1.2. Flor (a), planta (b) y vainas (c) de la forma silvestre de <i>P. vulgaris</i>	4
Figura 1.3. Provincias del noroeste argentino que constituyen el límite sur del Centro Andino de domesticación de <i>P. vulgaris</i> (Mapa de Argentina Fuente Instituto Geográfico Nacional de la Republica Argentina)	5
Figura 1.4. Semillas de poblaciones silvestres (izquierda) y variedades locales (derecha) de judía del NOA	10
Figura 1.5. Esquema de funcionamiento de un SIG (Adaptado de Moreira, 1996)	14
Figura 1.6. Representación del complejo “wild-weedy-crop” o silvestre-maleza-cultivado (Adaptado de Beebe et al., 1997 y Galván, 2006).....	17
Figura 3.1. Semillas de variedades locales de judía cultivadas por agricultores del NOA.	19
Figura 3.2. Sitios de recolección y ecorregiones de procedencia de las poblaciones silvestres (círculos verdes) y variedades locales (círculos rojos) estudiadas.	21
Figura 3.3. Ensayo de caracterización en Cachi adentro, Salta.	22
Figura 4.1. Porcentaje de las poblaciones silvestres (verde) y de las variedades locales (rojo) correspondientes a las distintas clases establecidas para evaluar los días a inicio de floración.	38
Figura 4.2. Porcentaje de las poblaciones silvestres (verde) y de las variedades locales (rojo) correspondientes a las distintas clases establecidas para evaluar los días a madurez.	38
Figura 4.3. Caracteres agromorfológicos de las 236 accesiones de judía evaluadas. Los diagramas de caja se basan en los valores de longitud del foliolo central (LFC), longitud basal del foliolo central (LBFC), ancho del foliolo central (AFC), longitud de la vaina (LV), ancho de la vaina (AV), grosor de la vaina (GV), promedio de vainas totales (VTOT), rendimiento (REND), longitud de semilla (LS), ancho de semilla (AS), grosor de semilla (GS), peso de 100 semillas (P100S), n° de bractéolas (NBR), longitud de la bractéola (LBR) y ancho de la bractéola (ABR). Las barras verdes corresponden a las accesiones silvestres y la barra roja a las variedades locales)	39
Figura 4.4. Porcentaje de poblaciones silvestres (barras verdes) y de variedades locales (barras rojas) correspondientes a las distintas clases establecidas para rendimiento de semillas.	40
Figura 4.5. Porcentaje de las variedades locales evaluadas correspondientes a las distintas clases establecidas para tamaño de semillas en función del peso de 100 semillas: Semillas pequeñas (<25g /100 semillas); semillas medianas (25-40g/100 semillas) y semillas grandes y extragrandes (>40g/100 semillas).....	40
Figura 4.6. Ordenamiento de las poblaciones en función de los componentes principales uno (CP1) y dos (CP2), obtenido a partir de los datos agromorfológicos. Los grupos formados se designan con la letra G. Se indican el porcentaje de contribución de cada eje y el número de BNOA de las accesiones que fueron clasificadas como intermedias entre ambos grupos (silvestre y variedades locales). Con flechas se indican las variables que más contribuyeron a cada componente y el sentido de la contribución. Caracteres en el CP1: LS (longitud de la semilla), AS (ancho de la semilla), GS (grosor de la semilla), LV (longitud de la vaina), AV (ancho de la vaina), GV (grosor de la vaina), y P100S (peso de 100 semillas). Caracteres en el CP2: IFL (días a inicio de floración), MAD (días a madurez), VT (promedio de vainas totales) y REND (rendimiento).	42
Figura 4.7. Ordenamiento de las accesiones de judías silvestres y variedades locales en función de los componentes principales CP1 y CP2 obtenido a partir de los datos agromorfológicos considerando la ecorregión de procedencia. Se indican el porcentaje de contribución de cada eje y el número de BNOA de las accesiones. Los círculos corresponden a las poblaciones silvestres y los cuadrados a las variedades locales, el color naranja a la ecorregión Monte de Sierras y Bolsones, verde a Yungas, marrón a la ecorregión Puna, amarillo a Chaco Seco y azul a la ecorregión Altos Andes.	43
Figura 4.8. Dendrograma de agrupamiento de las 236 accesiones de <i>P. vulgaris</i> evaluadas basado en los caracteres agromorfológicos, utilizando el método UPGMA. Los números romanos indican los cuatro grupos formados a una distancia euclídea igual a 5,25.	44
Figura 4.9. Representación gráfica que permite estimar el óptimo número de grupos o valor de K, en base a los resultados del análisis realizado con el programa STRUCTURE. Se representa el valor ΔK (Evanno et al., 2005) frente a los valores de K analizados.....	49
Figura 4.10. Representación gráfica del agrupamiento bayesiano de los 115 individuos correspondientes a judías silvestres y variedades locales analizados con el programa STRUCTURE para K=2. En el eje “x” se indican los individuos y en el eje “y” la probabilidad de asignación al Grupo 1 o variedades locales (rojo) y al Grupo 2 o silvestre (verde).....	52
Figura 4.11. Análisis de Coordenadas principales de los 115 individuos de <i>P. vulgaris</i> evaluados con los 9 loci SSR. Los círculos indican pertenencia al grupo silvestre y los cuadrados a variedades locales, en función de los caracteres morfológicos. Los colores corresponden a las distintas ecorregiones de origen (azul: Altos Andes, amarillo: Chaco Seco, naranja: Monte de Sierras y Bolsones, marrón: Puna y verde: Selva de las Yungas). Se indica con * los individuos asignados a un grupo diferente al observado fenotípicamente, con ** los individuos clasificados como híbridos, según el análisis con el programa STRUCTURE.	54

Figura 4.12. Análisis de Neighbor Joining de los 115 individuos evaluados de <i>P. vulgaris</i> . Se indica en color verde la pertenencia al grupo silvestre y en rojo, a las variedades locales, con * los individuos asignados a un grupo diferente al observado fenotípicamente y con ** los individuos clasificados como híbridos, según el análisis con el programa STRUCTURE	55
Figura 4.13. Análisis de Neighbor Joining de los 115 individuos evaluados de <i>P. vulgaris</i> , considerando su ecorregión de origen. Los colores indican la pertenencia a las distintas ecorregiones (azul: Altos Andes, amarillo: Chaco Seco, naranja: Monte de Sierras y Bolsones, marrón: Puna y verde: Selva de las Yungas).	55
Figura 4.14. Mapa ELC (Ecogeographical Land Characterization) de Argentina, donde se muestran las 22 categorías obtenidas, así como la localización de las accesiones evaluadas (círculos verdes).	57
Figura 4.15. a) Mapa de la diversidad ecogeográfica observada en las distintas zonas de Argentina donde se realizó la colecta del germoplasma de judía evaluado. El gradiente de colores indica los valores promedio de las distancias euclídeas calculadas para cada área de influencia de cada celda. b) Mapa de la diversidad ecogeográfica donde se realizó la colecta de germoplasma silvestre y c) de variedades locales de judía evaluado.	59
Figura 4.16. a) Mapa de la diversidad agromorfológica en las distintas zonas donde se recolectó el germoplasma evaluado de judía en Argentina. El gradiente de colores indica los valores promedio de la distancia de Gower calculados para cada área de influencia de cada celda. b) Mapa de la diversidad agromorfológica en sitios de colecta de germoplasma silvestre y c) de variedades locales de judía evaluado.	61
Figura 4.17. a) Mapa de la diversidad molecular en las distintas zonas donde se recolectó el germoplasma evaluado de judía en Argentina. El gradiente de colores indica los valores promedio de la distancia $DD = 1 - SD$ (siendo SD el coeficiente de asociación de Dice) calculados para cada área de influencia de cada celda. b) Mapa de la diversidad molecular en las zonas donde se recolectó el germoplasma silvestre y (c) de las variedades locales de judía evaluado.	63
Figura 4.18. a) Mapa de la diversidad molecular calculada a partir de la proporción de marcadores polimórficos en las distintas zonas donde se recolectó el germoplasma evaluado de judía en Argentina. b) Mapa de la diversidad molecular en función de la proporción de marcadores polimórficos en las zonas donde se recolectó el germoplasma silvestre y c) de variedades locales de judía evaluado.	65
Figura 4.19. Ordenamiento de las poblaciones y variedades comerciales de <i>P. vulgaris</i> en función de los componentes principales CP1 yCP2, obtenido a partir de los datos morfológicos de semillas de 10 individuos por población/variedad comercial. Los símbolos de color azul representan a las variedades comerciales evaluadas (Alubia: círculo, Paloma: cuadrado, NAG12: rombo y Leales 15: triángulo), los de color rojo a las poblaciones silvestres cercanas a los cultivos (Ca y Cb), los de color amarillo a las poblaciones intermedias (Ia e Ib). Los vectores indican la contribución de variable sobre los ejes (LS: longitud de semilla, AS: ancho de semilla, GS: grosor de semilla)	67
Figura 4.20. Dendrograma generado utilizando el método UPGMA a partir de la matriz obtenida al aplicar el coeficiente de distancia euclídea sobre los datos morfológicos de semillas de 10 individuos de las poblaciones silvestres y variedades comerciales de <i>P. vulgaris</i> evaluados. Variedades comerciales: N12: NAG12, L15: Leales 15, Al: alubia; Pal: Paloma; silvestres: Ca y Cb: poblaciones cercanas a sitio de cultivo; la e Ib: poblaciones situadas a una distancia intermedia de un sitio de cultivo.	67
Figura 4.21. Representación gráfica del agrupamiento bayesiano de los 44 individuos de <i>P. vulgaris</i> analizados con el programa STRUCTURE para $K = 3$. Ca y Cb: poblaciones cercanas a sitio de cultivo; la e Ib: poblaciones situadas a una distancia intermedia de un sitio de cultivo; VC: variedades comerciales. Se indican con un asterisco los híbridos putativos.	71
Figura 4.22. Dendrograma generado utilizando el método UPGMA a partir de la matriz obtenida al aplicar el coeficiente de distancia de Dice sobre los datos moleculares correspondientes a los fragmentos amplificados para los 13 loci SSR en los 44 individuos de <i>P. vulgaris</i> evaluados. Variedades comerciales: Al: Alubia, Pal: Paloma, NAG12 y L15: Leales 15; silvestres: Ca: población cercana a sitio de cultivo a; Cb: población cercana b; la: población situada a una distancia intermedia de un sitio de cultivo a; Ib: población intermedia b.	73

INDICE DE TABLAS

Tabla 1.1. Caracteres diferenciadores de las judías de los centros Mesoamericano y Andino (Adaptado de Menéndez-Sevillano, 2002 y Galván, 2006).....	3
Tabla 1.2. Características morfológicas de las formas silvestres y cultivadas de <i>Phaseolus vulgaris</i> (Adaptado de Gepts y Debouck, 1991).	6
Tabla 1.3. Ejemplos de superioridad en caracteres presentes en la forma silvestre de la judía común en comparación con <i>P. vulgaris</i> domesticado (Acosta-Gallegos et al., 2007).	9
Tabla 3.1. Número de accesiones correspondientes a poblaciones silvestres y variedades locales evaluadas por provincia del noroeste argentino.	20
Tabla 3.2. Número de accesiones correspondientes a poblaciones silvestres y variedades locales evaluadas por ecorregión según la clasificación de Morello <i>et al.</i> (2012).	20
Tabla 3.3. Tamaño de la semilla en función de su peso.	23
Tabla 3.4. Forma del foliolo central.	24
Tabla 3.5. Forma de la bractéola.	24
Tabla 3.6. Listado de caracteres agromorfológicos evaluados, clasificación según el tipo de carácter y codificación.	26
Tabla 3.7. Marcadores microsatélites utilizados, grupo de ligamiento (GL), secuencia y temperatura de hibridación (t^a). En negrita se muestran los marcadores genómicos.	28
Tabla 3.8. Poblaciones evaluadas para el análisis de flujo génico, sitio, departamento y provincia de origen. Se indica con un código la distancia de la población evaluada a zonas de cultivo de judía (Ca: población cercana a; Cb: población cercana b; la: población intermedia a; lb: población intermedia) y la distancia a la población silvestre más cercana.	34
Tabla 3.9. Marcadores microsatélites que se sumaron para el análisis de flujo génico, secuencia, grupo de ligamiento (GL) y temperatura de annealing (t^a). En negrita se indican los marcadores genómicos.	35
Tabla 4.1. Media, mínimo, máximo y coeficiente de variación (CV) de los caracteres evaluados por grupo (silvestres y variedades locales). El asterisco indica diferencias significativas para un valor $P < 0.0001$ como resultado del ANOVA realizado entre los grupos silvestre y variedades locales.	37
Tabla 4.2. Autovalores calculados para los tres primeros componentes del Análisis de Componentes Principales realizado con los datos agromorfológicos.	41
Tabla 4.3. Autovectores resultantes del Análisis de componentes principales a partir de los caracteres agromorfológicos evaluados: Días a inicio de floración (IFL), días a madurez (MAD), longitud del foliolo central (LFOL), longitud basal del foliolo central (LBFOL), ancho del foliolo central (AFOL), longitud de la vaina (LV), ancho de la vaina (AV), grosor de la vaina (GV), número de semillas por vaina (S/V), promedio de vainas totales (VTOT), rendimiento (REND), longitud de la semilla (LS), ancho de la semilla (AS), grosor de la semilla (GS), peso de 100 semillas (P100S), número de nervaduras de la bractéola (NBR), longitud de la bractéola (LBR) y ancho de la bractéola (ABR). Se resaltan en gris los valores máximo-absolutos para cada componente.	41
Tabla 4.4. Marcadores microsatélites amplificados, grupo de ligamiento (GL), rango de tamaño esperado (pb), tamaño observado (pb) y n° de alelos observados.	45
Tabla 4.5. Frecuencia de alelos principales, n° de alelos, Diversidad genética, Heterocigosidad e Índice de contenido polimórfico obtenido para los nueve loci polimórficos evaluados.	46
Tabla 4.6. Parámetros de diversidad genética de los 115 individuos de judías silvestres y de variedades locales en los nueve loci microsatélites polimórficos. Tamaño de muestra (N), número de alelos (Na), número de alelos efectivos (Ne), índice de información de Shannon (I), Heterocigosis observada (Ho), Heterocigosis esperada (He) e índice de Fijación de Wright (F). Desvío estándar (D.E.) y promedio para los genotipos silvestres, variedades locales y general.	47
Tabla 4.7. Frecuencia de alelos observada para los individuos de judías silvestres y de variedades locales. Con un asterisco, en negrita, cursiva y subrayado se indican los alelos raros o privados.	48
Tabla 4.8. Asignación de los 115 individuos estudiados a los grupos Variedades locales (VL= Grupo 1), Silvestre (S= Grupo 2) e Híbridos (H) utilizando el programa STRUCTURE. (Asig.STR: Asignación según STRUCTURE).	50
Tabla 4.9. Análisis de la varianza molecular (AMOVA) para los 115 individuos de judías silvestres y variedades locales en base a la información de los nueve loci SSR polimórficos. Se indican los grados de libertad (gl), las sumas de cuadrados (SC), los componentes de la varianza (CV), el porcentaje del total de la varianza debido a cada componente, el nivel de significación (P) obtenido mediante 10000 permutaciones y el valor del estadístico ϕ	52
Tabla 4.10. Análisis de la varianza molecular (AMOVA) para los 115 individuos evaluados con los nueve loci SSR analizados, distribuidas en los dos grupos (poblaciones silvestres y variedades locales), considerando las 5 ecorregiones de origen. Se indican los grados de libertad (gl), las sumas de cuadrados (SC), los componentes de la varianza (CV), el porcentaje del total de la varianza debido a cada componente, el nivel de significación (P) obtenido mediante 10000 permutaciones y el valor del estadístico ϕ	53
Tabla 4.11. Variables utilizadas para la elaboración del mapa de caracterización ecogeográfica del terreno...	56

Tabla 4.12. Categorías ecogeográficas (ELC) correspondientes a las 236 accesiones de <i>P. vulgaris</i> evaluadas. Se muestra también el desglose en las categorías bioclimática, geofísica y edáfica, el % de accesiones y el n° de accesiones por grupo.	58
Tabla 4.13. Comparación de los caracteres de semilla (longitud, ancho y grosor) entre las poblaciones silvestres y las variedades comerciales de judía evaluadas. Variedades comerciales: Al: alubia; Pal: Paloma; NAG12, L15: Leales 15; silvestres: Ca y Cb: poblaciones cercanas a sitio de cultivo (menos de 3 km); la e Ib: poblaciones situadas a una distancia intermedia de un sitio de cultivo (entre 3 y 10 km). D.E: desviación estándar, Min: mínimo y Máx.: máximo de los caracteres de semilla analizados, DMS: diferencia mínima significativa para la prueba de Bonferroni y CV% coeficiente de variación. Letras iguales dentro de cada columna indican diferencias no significativas ($p > 0,05$).	66
Tabla 4.14. Nombre del locus, tamaño de los alelos en pares de bases y frecuencias observadas en cada una de las poblaciones silvestres y variedades comerciales estudiadas. Con sombra gris se indican los alelos raros o privados.	68
Tabla 4.15. Valores promedio por poblaciones silvestres y variedades comerciales del N° de alelos, N° de alelos efectivos, Índice de información de Shannon y N° de alelos raros o privados.	70
Tabla 4.16. Valores correspondientes a la distancia genética de Nei calculada entre las poblaciones silvestres y las variedades comerciales de <i>P. vulgaris</i> evaluadas.	70
Tabla 4.17. Análisis de la varianza molecular (AMOVA) para los 44 individuos correspondientes a las cuatro poblaciones silvestres y las variedades comerciales, con la información de los trece loci SSR. Se indican los grados de libertad (gl), las sumas de cuadrados (SC), los componentes de la varianza (CV), el porcentaje del total de la varianza debido a cada componente, el nivel de significación (P) obtenido mediante 10000 permutaciones y el valor del estadístico ϕ	70
Tabla 4.18. Poblaciones comparadas, valor del estadístico ϕ obtenido y número de migrantes estimado (Nm). 71	
Tabla 4.19. Asignación de los 44 individuos de <i>P. vulgaris</i> estudiados a los grupos genéticos 1, 2 y 3 e híbridos (H) utilizando el programa STRUCTURE (probabilidades de asignación para K = 3). La clasificación de los individuos en silvestres y cultivados se realizó sobre la base de sus características morfológicas.	72

ANEXO

Tabla I. Listado de las 236 accesiones evaluadas, grupo al que pertenecen, datos de pasaporte y ecorregión a la que corresponden (MSB=Monte de Sierras y Bolsones, Yungas, Puna, Chaco Seco y Altos Andes). Se muestran en negrita las accesiones a las que pertenecen los 115 individuos que fueron analizados molecularmente.

ID	GRUPO	PROVINCIA	DPTO	ECORREGION	LATITUD °S		LONGITUD °O		MSNM
BNOA069	Silvestre	Jujuy	Tumbaya	MSB	23	51	65	28	1850
BNOA070	Silvestre	Jujuy	Dr. M. Belgrano	Yungas	24	2	65	24	1670
BNOA071	Silvestre	Salta	Santa Victoria	Puna	22	15	64	57	2340
BNOA072	Silvestre	Salta	Santa Victoria	Puna	22	15	64	57	2600
BNOA075	Silvestre	Tucumán	Trancas	Chaco Seco	26	22	65	31	1310
BNOA077	Silvestre	Tucumán	Trancas	Chaco Seco	26	13	65	16	1520
BNOA078	Silvestre	Salta	Capital	Chaco Seco	24	42	65	26	1800
BNOA079	Silvestre	Salta	Capital	Chaco Seco	24	42	65	26	1800
BNOA080	Silvestre	Salta	Capital	Chaco Seco	24	42	65	27	1800
BNOA081	Silvestre	Salta	Capital	Chaco Seco	24	42	65	27	1800
BNOA082	Silvestre	Salta	Chicoana	Yungas	25	6	65	36	1450
BNOA084	Silvestre	Salta	Chicoana	Yungas	25	6	65	36	1400
BNOA085	Silvestre	Salta	Chicoana	Yungas	25	6	65	36	1450
BNOA086	Silvestre	Salta	Chicoana	Yungas	25	9	65	36	1400
BNOA087	Silvestre	Salta	Chicoana	Yungas	25	10	65	46	1400
BNOA088	Silvestre	Salta	La Caldera	Chaco Seco	24	42	65	24	1300
BNOA089	Silvestre	Salta	Santa Victoria	Yungas	22	17	64	41	1630
BNOA090	Silvestre	Jujuy	Valle Grande	Yungas	23	38	64	56	1470
BNOA091	Silvestre	Jujuy	Valle grande	Yungas	23	38	64	56	1220
BNOA092	Silvestre	Salta	Santa Victoria	Yungas	22	14	64	41	1700
BNOA209	Silvestre	Jujuy	Dr. M. Belgrano	Puna	24	9	65	28	1850
BNOA210	Silvestre	Salta	Chicoana	Yungas	25	9	65	37	1530
BNOA211	Silvestre	Salta	La Caldera	Yungas	24	36	65	27	1640
BNOA212	Silvestre	Tucumán	Trancas	Chaco Seco	26	22	65	30	1160

BNOA213	Silvestre	Tucumán	Chicligasta	Yungas	27	21	65	58	1650
BNOA214	Silvestre	Tucumán	Tafí del Valle	Yungas	26	57	65	43	2100
BNOA215	Silvestre	Tucumán	Tafí del Valle	Yungas	26	57	65	43	2220
BNOA219	Silvestre	Salta	R de Lerma	Yungas	24	54	65	39	1560
BNOA220	Silvestre	Salta	R de Lerma	Yungas	24	54	65	39	1553
BNOA222	Silvestre	Salta	R de Lerma	Yungas	24	57	65	39	1463
BNOA223	Silvestre	Salta	R de Lerma	Yungas	24	57	65	39	1463
BNOA224	Silvestre	Salta	R de Lerma	Yungas	24	57	65	39	1463
BNOA225	Silvestre	Salta	R de Lerma	Yungas	24	58	65	41	1524
BNOA226	Silvestre	Salta	R de Lerma	Yungas	24	59	65	42	1580
BNOA227	Silvestre	Salta	R de Lerma	Yungas	24	59	65	42	1580
BNOA228	Silvestre	Salta	R de Lerma	Yungas	24	59	65	42	1580
BNOA229	Silvestre	Salta	R de Lerma	Yungas	24	59	65	42	1580
BNOA230	Silvestre	Salta	R de Lerma	Yungas	24	58	65	40	1480
BNOA231	Silvestre	Salta	R de Lerma	Yungas	24	53	65	39	1567
BNOA232	Silvestre	Salta	R de Lerma	Yungas	24	53	65	39	1567
BNOA233	Silvestre	Salta	R de Lerma	Yungas	24	53	65	39	1567
BNOA234	Silvestre	Salta	R de Lerma	Yungas	24	53	65	39	1567
BNOA235	Silvestre	Salta	R de Lerma	Yungas	24	53	65	39	1620
BNOA236	Silvestre	Salta	R de Lerma	Yungas	24	53	65	39	1620
BNOA237	Silvestre	Salta	R de Lerma	Yungas	24	53	65	39	1620
BNOA239	Silvestre	Salta	R de Lerma	Yungas	24	53	65	40	1600
BNOA240	Silvestre	Salta	R de Lerma	Yungas	24	53	65	40	1600
BNOA241	Silvestre	Salta	R de Lerma	Yungas	24	53	65	40	1600
BNOA270	Silvestre	Jujuy	Tumbaya	MSB	23	58	65	27	1900
BNOA271	Silvestre	Salta	Santa Victoria	Puna	22	15	64	57	2500
BNOA272	Silvestre	Jujuy	Tumbaya	MSB	23	58	65	27	1840
BNOA274	Silvestre	Salta	Cerrillos	Chaco Seco	24	54	65	28	1250

BNOA275	Silvestre	Salta	Chicoana	Chaco Seco	25	6	65	32	1440
BNOA277	Silvestre	Salta	Cerrillos	Chaco Seco	24	54	65	30	1250
BNOA278	Silvestre	Salta	Cerrillos	Chaco Seco	24	54	65	30	1250
BNOA279	Silvestre	Salta	Cerrillos	Chaco Seco	24	53	65	28	1236
BNOA280	Silvestre	Salta	Chicoana	Chaco Seco	25	5	65	32	1440
BNOA281	Silvestre	Salta	Chicoana	Yungas	25	9	65	36	1620
BNOA282	Silvestre	Jujuy	Dr. M. Belgrano	Yungas	24	4	65	25	1550
BNOA451	Silvestre	Salta	Santa Victoria	Yungas	22	14	64	41	1335
BNOA452	Silvestre	Salta	R de Lerma	Yungas	24	53	65	39	1600
BNOA468	Silvestre	Tucumán	Montero	Yungas	27	0	65	39	1411
BNOA469	Silvestre	Tucumán	Tafí Viejo	Yungas	26	42	65	26	1565
BNOA470	Silvestre	Tucumán	Tafí Viejo	Yungas	26	42	65	26	1683
BNOA471	Silvestre	Salta	Chicoana	Yungas	25	5	65	34	1347
BNOA472	Silvestre	Salta	Chicoana	Yungas	25	5	65	34	1349
BNOA473	Silvestre	Salta	Chicoana	Yungas	25	5	65	34	1351
BNOA474	Silvestre	Salta	Chicoana	Yungas	25	5	65	34	1404
BNOA475	Silvestre	Salta	Chicoana	Yungas	25	5	65	34	1424
BNOA476	Silvestre	Salta	Chicoana	Yungas	25	9	65	38	1458
BNOA477	Silvestre	Salta	Chicoana	Yungas	25	9	65	38	1481
BNOA481	Silvestre	Córdoba	Punilla	Chaco Seco	31	20	64	36	911
BNOA482	Silvestre	Salta	Chicoana	Yungas	25	6	65	35	1381
BNOA483	Silvestre	Salta	Chicoana	Yungas	25	6	65	35	1381
BNOA484	Silvestre	Salta	Chicoana	Yungas	25	7	65	36	1404
BNOA485	Silvestre	Salta	Chicoana	Yungas	25	7	65	36	1404
BNOA486	Silvestre	Salta	Chicoana	Yungas	25	8	65	36	1464
BNOA487	Silvestre	Salta	Chicoana	Yungas	25	9	65	37	1546
BNOA488	Silvestre	Salta	Chicoana	Yungas	25	10	65	37	1553
BNOA489	Silvestre	Salta	Chicoana	Yungas	25	9	65	38	1584



BNOA490	Silvestre	Salta	Chicoana	Yungas	25	9	65	39	1623
BNOA492	Silvestre	Jujuy	Dr. M. Belgrano	Puna	24	7	65	26	1544
BNOA493	Silvestre	Jujuy	Dr. M. Belgrano	Puna	24	7	65	26	1583
BNOA494	Silvestre	Jujuy	Dr: M. Belgrano	Puna	24	7	65	27	1668
BNOA495	Silvestre	Jujuy	Dr. M. Belgrano	Puna	24	7	65	27	1673
BNOA496	Silvestre	Jujuy	Dr. M. Belgrano	Puna	24	7	65	27	1747
BNOA497	Silvestre	Jujuy	Dr. M. Belgrano	Puna	24	7	65	28	1910
BNOA498	Silvestre	Jujuy	Dr. M. Belgrano	Puna	24	7	65	28	1843
BNOA499	Silvestre	Jujuy	Dr. M. Belgrano	Puna	24	7	65	28	1836
BNOA500	Silvestre	Jujuy	Dr. M. Belgrano	Puna	24	7	65	28	1936
BNOA502	Silvestre	Salta	Chicoana	Yungas	25	6	65	36	1383
BNOA503	Silvestre	Salta	Chicoana	Yungas	25	9	65	36	1457
BNOA504	Silvestre	Salta	Chicoana	Yungas	25	9	65	38	1549
BNOA506	Silvestre	Salta	Chicoana	Yungas	25	9	65	37	1553
BNOA508	Silvestre	Salta	Capital	Chaco Seco	24	40	65	28	1300
BNOA509	Silvestre	Salta	Capital	Chaco Seco	24	40	65	28	1300
BNOA510	Silvestre	Salta	La Caldera	Chaco Seco	24	42	65	24	1195
BNOA512	Silvestre	Jujuy	Valle Grande	Yungas	23	37	64	56	1505
BNOA514	Silvestre	Jujuy	Valle Grande	Yungas	23	33	64	59	1685
BNOA519	Silvestre	Salta	R de Lerma	Yungas	24	54	65	39	1600
BNOA520	Silvestre	Salta	Capital	Chaco Seco	24	52	65	20	1393
BNOA521	Silvestre	Salta	Capital	Yungas	24	53	65	18	1488
BNOA522	Silvestre	Salta	Capital	Yungas	24	53	65	18	1482
BNOA523	Silvestre	Salta	Capital	Yungas	24	53	65	18	1482
BNOA524	Silvestre	Salta	Capital	Yungas	24	53	65	15	1286
BNOA525	Silvestre	Salta	Capital	Yungas	24	52	65	13	1188
BNOA528	Silvestre	Salta	La Caldera	Yungas	24	30	65	18	1399
BNOA529	Silvestre	Salta	La Caldera	Yungas	24	30	65	19	1440

BNOA556	Silvestre	Tucumán	Chicligasta	Yungas	27	19	65	55	1442
BNOA557	Silvestre	Tucumán	Chicligasta	Yungas	27	19	65	56	1479
BNOA558	Silvestre	Tucumán	Chicligasta	Yungas	27	19	65	56	1484
BNOA559	Silvestre	Tucumán	Chicligasta	Yungas	27	19	65	56	1547
BNOA560	Silvestre	Tucumán	Chicligasta	Yungas	27	19	65	56	1547
BNOA561	Silvestre	Tucumán	Chicligasta	Yungas	27	21	65	58	1655
BNOA562	Silvestre	Catamarca	Andalgalá	Yungas	27	21	65	58	1692
BNOA563	Silvestre	Catamarca	Andalgalá	Yungas	27	22	65	58	1618
BNOA564	Silvestre	Catamarca	Andalgalá	Yungas	27	23	65	59	1471
BNOA565	Silvestre	Catamarca	Andalgala	Chaco Seco	27	26	65	0	1496
BNOA566	Silvestre	Catamarca	Andalgalá	Yungas	27	47	65	46	1112
BNOA567	Silvestre	Catamarca	Andalgalá	Yungas	27	47	65	47	1113
BNOA568	Silvestre	Tucumán	Chicligasta	Yungas	27	46	65	47	911
BNOA569	Silvestre	Salta	Capital	Yungas	24	52	65	12	1166
BNOA570	Silvestre	Salta	Capital	Yungas	24	48	65	15	1185
BNOA571	Silvestre	Salta	Cerrillos	Chaco Seco	24	53	65	28	1232
BNOA572	Silvestre	Salta	Anta	Chaco Seco	24	47	64	37	969
BNOA573	Silvestre	Salta	Anta	Chaco Seco	24	47	64	37	963
BNOA574	Silvestre	Salta	Anta	Chaco Seco	24	47	64	37	955
BNOA575	Silvestre	Salta	Anta	Chaco Seco	24	46	64	37	949
BNOA576	Silvestre	Salta	Anta	Yungas	24	42	64	38	922
BNOA577	Silvestre	Salta	Anta	Yungas	24	42	64	37	914
BNOA578	Silvestre	Salta	Anta	Yungas	24	41	64	37	912
BNOA579	Silvestre	Salta	Anta	Yungas	24	41	64	36	903
BNOA580	Silvestre	Salta	Anta	Chaco Seco	24	43	64	38	915
BNOA581	Silvestre	Salta	Anta	Chaco Seco	24	44	64	37	896
BNOA582	Silvestre	Salta	Anta	Chaco Seco	24	45	64	37	901
BNOA583	Silvestre	Salta	Anta	Chaco Seco	24	45	64	37	918



BNOA584	Silvestre	Tucumán	Trancas	Yungas	26	18	65	37	1638
BNOA588	Silvestre	Tucumán	Trancas	Yungas	26	16	65	30	1190
BNOA592	Silvestre	Salta	La Caldera	Chaco Seco	24	41	65	24	1195
BNOA593	Silvestre	Salta	General Güemes	Yungas	24	57	64	45	759
BNOA708	Silvestre	Salta	Santa Victoria	Yungas	22	16	64	42	1613
BNOA718	Silvestre	Salta	Santa Victoria	Yungas	22	23	64	43	1652
BNOA002	Variedad local	Salta	Iruya	Altos Andes	22	50	65	14	2900
BNOA018	Variedad local	Jujuy	Tilcara	MSB	23	26	65	20	2400
BNOA019	Variedad local	Jujuy	Tilcara	MSB	23	26	65	20	2400
BNOA026	Variedad local	Jujuy	Tilcara	MSB	23	26	65	20	2400
BNOA036	Variedad local	Salta	Santa Victoria	Yungas	22	14	64	41	2400
BNOA037	Variedad local	Salta	Santa Victoria	Yungas	22	14	64	41	2400
BNOA038	Variedad local	Salta	Santa Victoria	Yungas	22	14	64	41	2400
BNOA039	Variedad local	Salta	Santa Victoria	Yungas	22	14	64	41	2400
BNOA044	Variedad local	Jujuy	Tilcara	MSB	23	26	65	20	2400
BNOA046	Variedad local	Jujuy	Tilcara	MSB	23	26	65	20	2400
BNOA050	Variedad local	Jujuy	Yavi	Puna	22	7	65	27	3440
BNOA052	Variedad local	Salta	Santa Victoria	Puna	22	14	65	3	2500
BNOA054	Variedad local	Salta	Santa Victoria	Puna	22	14	65	3	2500
BNOA056	Variedad local	Salta	Santa Victoria	Puna	22	14	65	3	2500
BNOA057	Variedad local	Salta	Santa Victoria	Puna	22	14	65	3	2500
BNOA060	Variedad local	Jujuy	Humahuaca	MSB	23	11	65	20	2939
BNOA061	Variedad local	Jujuy	Tumbaya	MSB	23	55	65	27	2084
BNOA062	Variedad local	Jujuy	Tumbaya	MSB	23	55	65	27	2084
BNOA065	Variedad local	Salta	Santa Victoria	Yungas	22	11	64	49	2500
BNOA066	Variedad local	Catamarca	Belén	MSB	27	28	67	4	1863
BNOA068	Variedad local	Catamarca	Belén	MSB	27	28	67	4	1863
BNOA093	Variedad local	Salta	Santa Victoria	Yungas	22	16	64	41	1700

BNOA098	Variedad local	Salta	Santa Victoria	Yungas	22	14	64	41	1700
BNOA101	Variedad local	Salta	Iruya	Altos Andes	22	42	65	14	2850
BNOA108	Variedad local	Salta	Iruya	Altos Andes	22	43	65	15	2850
BNOA111	Variedad local	Salta	Iruya	Altos Andes	22	43	65	15	2850
BNOA112	Variedad local	Salta	Iruya	Altos Andes	22	43	65	15	2850
BNOA115	Variedad local	Salta	Santa Victoria	Puna	22	15	64	57	2400
BNOA128	Variedad local	Salta	Iruya	Altos Andes	22	43	65	15	2850
BNOA131	Variedad local	Salta	Santa Victoria	Puna	22	14	65	4	2600
BNOA132	Variedad local	Salta	Santa Victoria	Puna	22	14	65	4	2900
BNOA140	Variedad local	Salta	Santa Victoria	Puna	22	14	65	4	2600
BNOA143	Variedad local	Salta	Santa Victoria	Puna	22	14	65	4	2600
BNOA145	Variedad local	Salta	Santa Victoria	Puna	22	14	65	2	2600
BNOA149	Variedad local	Salta	Iruya	Altos Andes	22	43	65	15	2850
BNOA150	Variedad local	Salta	Iruya	Altos Andes	22	43	65	15	2850
BNOA153	Variedad local	Salta	Iruya	Altos Andes	22	43	65	15	2850
BNOA160	Variedad local	Salta	Iruya	Altos Andes	22	43	65	15	2850
BNOA168	Variedad local	Salta	Santa Victoria	Puna	22	14	65	2	2400
BNOA173	Variedad local	Salta	Santa Victoria	Puna	22	16	64	58	2400
BNOA180	Variedad local	Salta	Iruya	Altos Andes	22	43	65	15	2850
BNOA182	Variedad local	Salta	Santa Victoria	Puna	22	14	65	4	2800
BNOA183	Variedad local	Salta	Santa Victoria	Puna	22	15	64	57	2400
BNOA188	Variedad local	Salta	Iruya	Altos Andes	22	47	65	13	2800
BNOA193	Variedad local	Salta	Santa Victoria	Puna	22	15	64	58	2400
BNOA196	Variedad local	Salta	Santa Victoria	Puna	22	15	64	58	2400
BNOA198	Variedad local	Salta	Santa Victoria	Puna	22	15	64	58	2400
BNOA203	Variedad local	Salta	Iruya	Altos Andes	22	47	65	13	2850
BNOA204	Variedad local	Salta	Iruya	Altos Andes	22	47	65	13	2850
BNOA207	Variedad local	Salta	Iruya	Altos Andes	22	47	65	13	2850



BNOA267	Variedad local	Jujuy	Tumbaya	MSB	23	58	65	27	1900
BNOA268	Variedad local	Jujuy	Tumbaya	MSB	23	58	65	27	1900
BNOA269	Variedad local	Jujuy	Tumbaya	MSB	23	58	65	27	1900
BNOA285	Variedad local	Salta	Santa Victoria	Yungas	22	14	64	41	1354
BNOA286	Variedad local	Salta	Santa Victoria	Yungas	22	14	64	41	1354
BNOA294	Variedad local	Salta	Santa Victoria	Yungas	22	14	64	41	1354
BNOA295	Variedad local	Salta	Santa Victoria	Yungas	22	14	64	41	1354
BNOA298	Variedad local	Salta	Santa Victoria	Yungas	22	14	64	41	1354
BNOA300	Variedad local	Salta	Santa Victoria	Yungas	22	14	64	41	1354
BNOA301	Variedad local	Salta	Santa Victoria	Yungas	22	14	64	41	1354
BNOA302	Variedad local	Salta	Santa Victoria	Yungas	22	14	64	41	1354
BNOA305	Variedad local	Salta	Santa Victoria	Yungas	22	14	64	41	1354
BNOA311	Variedad local	Salta	Santa Victoria	Yungas	22	14	64	41	1354
BNOA314	Variedad local	Salta	Santa Victoria	Yungas	22	11	64	40	1335
BNOA318	Variedad local	Salta	Santa Victoria	Yungas	22	11	64	40	1335
BNOA319	Variedad local	Salta	Santa Victoria	Yungas	22	11	64	40	1335
BNOA320	Variedad local	Salta	Santa Victoria	Yungas	22	11	64	40	1335
BNOA326	Variedad local	Salta	Santa Victoria	Yungas	22	11	64	40	1335
BNOA337	Variedad local	Salta	Santa Victoria	Yungas	22	11	64	40	1335
BNOA341	Variedad local	Salta	Santa Victoria	Yungas	22	11	64	40	1335
BNOA362	Variedad local	Salta	Santa Victoria	Yungas	22	16	64	41	1335
BNOA363	Variedad local	Salta	Santa Victoria	Yungas	22	16	64	41	1335
BNOA375	Variedad local	Salta	Santa Victoria	Yungas	22	17	64	40	1335
BNOA381	Variedad local	Salta	Santa Victoria	Yungas	22	17	64	40	1335
BNOA389	Variedad local	Salta	Santa Victoria	Yungas	22	17	64	40	1335
BNOA396	Variedad local	Salta	Santa Victoria	Yungas	22	17	64	40	1335
BNOA397	Variedad local	Salta	Santa Victoria	Yungas	22	17	64	40	1335
BNOA398	Variedad local	Salta	Santa Victoria	Yungas	22	11	64	40	1335

BNOA402	Variedad local	Salta	Santa Victoria	Yungas	22	11	64	40	1335
BNOA403	Variedad local	Salta	Santa Victoria	Yungas	22	11	64	40	1335
BNOA404	Variedad local	Salta	Santa Victoria	Yungas	22	11	64	40	1335
BNOA406	Variedad local	Salta	Santa Victoria	Yungas	22	11	64	40	1335
BNOA413	Variedad local	Salta	Santa Victoria	Yungas	22	16	64	41	1335
BNOA415	Variedad local	Salta	Santa Victoria	Yungas	22	16	64	41	1335
BNOA439	Variedad local	Salta	Santa Victoria	Yungas	22	16	64	41	1335
BNOA467	Variedad local	Tucumán	Tafí del Valle	MSB	26	23	66	1	2088
BNOA511	Variedad local	Catamarca	Santa María	MSB	26	44	66	3	1931
BNOA590	Variedad local	Salta	Iruya	Altos Andes	22	47	65	13	2731
BNOA591	Variedad local	Jujuy	Purmamarca	Puna	23	42	65	32	2623
BNOA594	Variedad local	Salta	Molinos	Puna	25	16	66	27	2020
BNOA595	Variedad local	Salta	Molinos	Puna	25	16	66	27	2020
BNOA596	Variedad local	Salta	Santa Victoria	Puna	22	15	64	58	2400
BNOA597	Variedad local	Salta	Santa Victoria	Puna	22	15	64	58	2400
BNOA598	Variedad local	Salta	Santa Victoria	Yungas	22	16	64	41	1650

Tabla II. Valores promedio, desviación estándar, mínimo y máximo de los caracteres fenológicos (días) y caracteres de hoja (mm) de las accesiones evaluadas, generales y por grupo al que pertenecen. Silv: silvestre; VL: Variedad local. Caracteres de hoja: LFC: Longitud foliolo central; LBFC: Longitud basal del foliolo central; AFC: Ancho del foliolo central; FFC: Forma foliolo central; ABFC: Angulo basal del foliolo central

ID	Grupo	Caracteres fenológicos (días)		Caracteres de hoja (mm)				
		Inicio floración	Madurez	LFC	LBFC	AFC	FFC	ABFC
BNOA069	Silv	120	148	65,60	16,00	42,80	1,53	0,24
BNOA070	Silv	120	148	63,80	18,40	46,40	1,38	0,29
BNOA071	Silv	120	148	69,40	18,80	47,20	1,47	0,27
BNOA072	Silv	120	157	69,40	17,60	45,00	1,54	0,25
BNOA075	Silv	120	148	70,20	17,40	45,20	1,55	0,25
BNOA077	Silv	120	148	63,40	19,20	42,80	1,48	0,30
BNOA078	Silv	96	120	64,80	19,40	43,20	1,50	0,30
BNOA079	Silv	95	159	75,60	23,00	54,40	1,39	0,30
BNOA080	Silv	95	168	76,20	23,00	55,80	1,37	0,30
BNOA081	Silv	95	157	71,40	19,40	51,60	1,38	0,27
BNOA082	Silv	105	140	70,80	21,20	44,60	1,59	0,30
BNOA084	Silv	100	140	61,60	19,00	41,00	1,50	0,31
BNOA085	Silv	100	140	63,00	17,40	40,40	1,56	0,28
BNOA086	Silv	100	140	70,60	22,60	47,60	1,48	0,32
BNOA087	Silv	100	120	64,20	18,40	40,00	1,61	0,29
BNOA088	Silv	100	120	66,00	19,70	42,70	1,55	0,30
BNOA089	Silv	105	140	76,80	19,00	47,80	1,61	0,25
BNOA090	Silv	100	120	67,00	18,40	44,80	1,50	0,27
BNOA091	Silv	100	120	73,20	22,40	46,40	1,58	0,31
BNOA092	Silv	126	154	71,40	19,60	53,00	1,35	0,27
BNOA209	Silv	113	160	73,00	20,00	50,60	1,44	0,27
BNOA210	Silv	98	120	77,40	19,20	52,20	1,48	0,25
BNOA211	Silv	100	120	60,80	17,40	42,40	1,43	0,29
BNOA212	Silv	90	174	64,40	19,80	46,20	1,39	0,31
BNOA213	Silv	126	154	60,80	19,60	43,00	1,41	0,32
BNOA214	Silv	95	120	65,20	16,80	45,80	1,42	0,26
BNOA215	Silv	76	175	50,40	18,80	37,00	1,36	0,37
BNOA219	Silv	100	140	65,80	16,20	42,40	1,55	0,25
BNOA220	Silv	100	120	65,00	16,60	42,40	1,53	0,26
BNOA222	Silv	100	120	58,40	17,00	36,00	1,62	0,29
BNOA223	Silv	100	120	61,00	18,60	39,40	1,55	0,30
BNOA224	Silv	100	120	63,80	19,40	41,20	1,55	0,30
BNOA225	Silv	100	140	62,60	18,60	40,80	1,53	0,30
BNOA226	Silv	90	157	64,80	19,20	45,40	1,43	0,30
BNOA227	Silv	90	157	66,80	18,40	46,20	1,45	0,28
BNOA228	Silv	100	140	57,40	16,20	36,40	1,58	0,28
BNOA229	Silv	90	157	66,80	18,80	49,60	1,35	0,28
BNOA230	Silv	90	157	69,40	20,80	50,40	1,38	0,30
BNOA231	Silv	90	157	61,20	17,20	44,80	1,37	0,28
BNOA232	Silv	90	157	63,60	19,20	46,80	1,36	0,30
BNOA233	Silv	90	157	75,00	23,80	52,80	1,42	0,32
BNOA234	Silv	90	157	78,20	22,60	51,80	1,51	0,29
BNOA235	Silv	90	157	68,00	20,20	45,40	1,50	0,30
BNOA236	Silv	90	157	65,40	19,00	46,60	1,40	0,29
BNOA237	Silv	95	157	68,40	21,00	47,40	1,44	0,31

BNOA239	Silv	95	157	74,20	22,00	46,80	1,59	0,30
BNOA240	Silv	95	157	70,80	24,40	50,20	1,41	0,34
BNOA241	Silv	95	175	58,80	17,80	38,40	1,53	0,30
BNOA270	Silv	95	171	73,60	22,20	49,40	1,49	0,30
BNOA271	Silv	95	172	70,60	23,60	51,00	1,38	0,33
BNOA272	Silv	95	173	73,40	21,00	49,00	1,50	0,29
BNOA274	Silv	124	152	72,60	22,00	52,20	1,39	0,30
BNOA275	Silv	95	168	72,20	22,30	48,60	1,49	0,31
BNOA277	Silv	100	140	59,40	19,20	38,80	1,53	0,32
BNOA278	Silv	108	160	67,20	22,00	43,00	1,56	0,33
BNOA279	Silv	100	140	71,00	21,80	48,60	1,46	0,31
BNOA280	Silv	95	157	73,80	19,40	52,20	1,41	0,26
BNOA281	Silv	96	120	60,00	18,20	43,00	1,40	0,30
BNOA282	Silv	105	140	82,00	21,20	53,80	1,52	0,26
BNOA451	Silv	130	158	77,20	22,60	52,40	1,47	0,29
BNOA452	Silv	123	151	70,00	20,80	47,60	1,47	0,30
BNOA468	Silv	77	150	83,80	24,80	58,60	1,43	0,30
BNOA469	Silv	108	160	75,20	22,80	52,20	1,44	0,30
BNOA470	Silv	92	150	84,60	27,80	57,60	1,47	0,33
BNOA471	Silv	111	150	71,80	21,60	52,60	1,37	0,30
BNOA472	Silv	108	150	77,40	22,40	48,80	1,59	0,29
BNOA473	Silv	127	175	52,60	19,40	40,00	1,32	0,37
BNOA474	Silv	111	150	76,80	27,00	53,40	1,44	0,35
BNOA475	Silv	127	175	54,80	19,20	38,80	1,41	0,35
BNOA476	Silv	117	175	50,80	18,00	37,40	1,36	0,35
BNOA477	Silv	111	150	71,40	23,40	49,00	1,46	0,33
BNOA481	Silv	87	150	69,00	19,80	46,00	1,50	0,29
BNOA482	Silv	117	175	53,60	19,80	38,20	1,40	0,37
BNOA483	Silv	117	175	63,80	21,60	42,80	1,49	0,34
BNOA484	Silv	112	175	60,20	20,40	46,00	1,31	0,34
BNOA485	Silv	108	160	71,40	23,20	46,20	1,55	0,32
BNOA486	Silv	96	175	68,20	23,40	47,60	1,43	0,34
BNOA487	Silv	107	175	65,20	21,20	48,00	1,36	0,33
BNOA488	Silv	107	175	66,40	21,60	44,20	1,50	0,33
BNOA489	Silv	107	175	63,80	22,60	44,60	1,43	0,35
BNOA490	Silv	103	150	78,60	21,20	54,00	1,46	0,27
BNOA492	Silv	117	175	72,80	24,80	47,20	1,54	0,34
BNOA493	Silv	117	175	60,00	20,80	47,00	1,28	0,35
BNOA494	Silv	117	175	59,20	22,20	45,00	1,32	0,38
BNOA495	Silv	117	175	56,80	19,60	43,80	1,30	0,35
BNOA496	Silv	117	175	62,00	20,00	48,60	1,28	0,32
BNOA497	Silv	107	175	64,80	20,40	43,40	1,49	0,31
BNOA498	Silv	117	175	64,60	21,20	47,00	1,37	0,33
BNOA499	Silv	117	175	67,60	23,60	50,80	1,33	0,35
BNOA500	Silv	117	175	68,40	25,60	49,20	1,39	0,37
BNOA502	Silv	117	175	61,80	21,40	43,20	1,43	0,35
BNOA503	Silv	126	154	73,40	21,60	54,80	1,34	0,29
BNOA504	Silv	129	157	73,40	21,40	51,40	1,43	0,29
BNOA506	Silv	129	157	76,00	20,00	53,80	1,41	0,26
BNOA508	Silv	117	175	65,20	21,60	44,00	1,48	0,33
BNOA509	Silv	117	175	57,60	21,60	40,20	1,43	0,38

BNOA510	Silv	117	175	64,00	20,40	42,00	1,52	0,32
BNOA512	Silv	107	175	66,60	21,20	41,40	1,61	0,32
BNOA514	Silv	107	175	59,00	21,00	41,80	1,41	0,36
BNOA519	Silv	117	182	66,40	23,80	42,20	1,57	0,36
BNOA520	Silv	107	182	58,60	20,00	37,20	1,58	0,34
BNOA521	Silv	117	182	58,80	20,40	42,60	1,38	0,35
BNOA522	Silv	107	182	59,00	19,80	41,80	1,41	0,34
BNOA523	Silv	107	182	63,00	20,40	41,60	1,51	0,32
BNOA524	Silv	117	182	55,60	20,20	39,80	1,40	0,36
BNOA525	Silv	129	157	74,80	19,20	53,00	1,41	0,26
BNOA528	Silv	111	160	75,80	23,00	48,80	1,55	0,30
BNOA529	Silv	103	150	75,40	21,00	46,40	1,63	0,28
BNOA556	Silv	129	175	78,20	14,40	52,60	1,49	0,18
BNOA557	Silv	125	175	67,00	15,60	48,40	1,38	0,23
BNOA558	Silv	120	175	66,60	15,80	50,20	1,33	0,24
BNOA559	Silv	117	175	76,60	18,80	55,40	1,38	0,25
BNOA560	Silv	117	175	74,30	18,30	54,30	1,37	0,25
BNOA561	Silv	117	175	77,00	18,40	54,80	1,41	0,24
BNOA562	Silv	117	175	69,00	19,00	44,80	1,54	0,28
BNOA563	Silv	117	175	76,20	17,80	51,00	1,49	0,23
BNOA564	Silv	117	170	65,60	17,40	49,20	1,33	0,27
BNOA565	Silv	117	175	65,60	13,40	45,20	1,45	0,20
BNOA566	Silv	117	175	68,20	16,80	50,20	1,36	0,25
BNOA567	Silv	117	175	71,40	15,20	49,80	1,43	0,21
BNOA568	Silv	117	175	80,40	18,60	57,80	1,39	0,23
BNOA569	Silv	117	175	74,20	16,60	51,20	1,45	0,22
BNOA570	Silv	117	170	77,40	24,80	56,00	1,38	0,32
BNOA571	Silv	117	175	71,40	19,00	48,80	1,46	0,27
BNOA572	Silv	117	175	71,60	19,40	51,00	1,40	0,27
BNOA573	Silv	117	170	66,20	17,40	54,00	1,23	0,26
BNOA574	Silv	117	170	61,60	15,60	43,80	1,41	0,25
BNOA575	Silv	134	175	66,00	15,60	46,20	1,43	0,24
BNOA576	Silv	117	170	67,60	16,00	48,20	1,40	0,24
BNOA577	Silv	117	175	68,60	15,40	47,20	1,45	0,22
BNOA578	Silv	117	175	71,40	17,20	51,60	1,38	0,24
BNOA579	Silv	134	175	69,70	15,70	47,70	1,46	0,23
BNOA580	Silv	134	175	64,20	15,40	44,00	1,46	0,24
BNOA581	Silv	124	175	69,80	15,80	50,00	1,40	0,23
BNOA582	Silv	124	175	78,60	20,60	56,00	1,40	0,26
BNOA583	Silv	134	175	63,40	16,40	43,80	1,45	0,26
BNOA584	Silv	124	175	65,80	18,40	44,00	1,50	0,28
BNOA588	Silv	150	204	71,60	17,40	45,40	1,58	0,24
BNOA592	Silv	115	172	61,40	19,40	43,20	1,42	0,32
BNOA593	Silv	109	170	62,40	19,40	45,20	1,38	0,31
BNOA708	Silv	143	185	64,20	16,00	47,20	1,36	0,25
BNOA718	Silv	148	185	55,00	13,60	41,40	1,33	0,25
Media	Silv	110	161.01	67,70	19,77	46,86	1,45	0,29
D.E.	Silv	13.71	18.10	6,86	2,67	5,00	0,08	0,04
Min	Silv	76.00	120.00	50,40	13,40	36,00	1,23	0,18
Max	Silv	150.00	204.00	84,60	27,80	58,60	1,63	0,38

ID	Grupo	Caracteres fenológicos (días)		Caracteres de hoja (mm)				
		Inicio floración	Madurez	LFC	LBFC	AFC	FFC	ABFC
BNOA002	VL	126	154	86,60	29,20	63,60	1,36	0,34
BNOA018	VL	120	148	88,80	24,20	66,60	1,33	0,27
BNOA019	VL	124	152	94,40	25,40	67,00	1,41	0,27
BNOA026	VL	126	154	95,80	25,00	70,60	1,36	0,26
BNOA036	VL	128	160	101,00	30,40	72,60	1,39	0,30
BNOA037	VL	132	160	85,40	23,20	62,60	1,36	0,27
BNOA038	VL	99	150	83,00	32,40	64,20	1,29	0,39
BNOA039	VL	128	160	101,40	27,80	73,60	1,38	0,27
BNOA044	VL	113	178	112,40	43,40	84,60	1,33	0,39
BNOA046	VL	94	164	134,20	38,60	100,00	1,34	0,29
BNOA050	VL	122	160	115,60	36,80	91,40	1,26	0,32
BNOA052	VL	95	147	121,80	34,80	82,40	1,48	0,29
BNOA054	VL	109	184	104,40	32,60	81,40	1,28	0,31
BNOA056	VL	118	160	129,80	35,00	99,00	1,31	0,27
BNOA057	VL	118	178	105,60	40,60	72,20	1,46	0,38
BNOA060	VL	126	154	91,00	25,40	67,40	1,35	0,28
BNOA061	VL	124	152	87,00	26,80	64,80	1,34	0,31
BNOA062	VL	126	154	84,80	21,60	68,40	1,24	0,25
BNOA065	VL	123	183	109,00	41,40	73,40	1,49	0,38
BNOA066	VL	78	147	85,20	29,40	71,40	1,19	0,35
BNOA068	VL	116	160	124,20	35,40	105,20	1,18	0,29
BNOA093	VL	62	141	73,20	28,80	54,00	1,36	0,39
BNOA098	VL	141	198	105,60	38,00	80,00	1,32	0,36
BNOA101	VL	122	160	112,80	32,80	79,00	1,43	0,29
BNOA108	VL	127	160	93,40	25,20	76,00	1,23	0,27
BNOA111	VL	141	204	79,80	24,20	58,20	1,37	0,30
BNOA112	VL	141	204	78,40	23,20	63,00	1,24	0,30
BNOA115	VL	95	152	97,80	32,40	65,60	1,49	0,33
BNOA128	VL	131	182	72,20	23,80	52,40	1,38	0,33
BNOA131	VL	130	158	94,00	24,60	61,20	1,54	0,26
BNOA132	VL	124	152	88,80	27,00	60,20	1,48	0,30
BNOA140	VL	122	160	112,40	41,80	87,40	1,29	0,37
BNOA143	VL	94	150	120,40	37,00	80,80	1,49	0,31
BNOA145	VL	141	204	92,80	26,80	67,40	1,38	0,29
BNOA149	VL	94	150	106,60	34,00	91,60	1,16	0,32
BNOA150	VL	72	140	117,40	39,60	91,00	1,29	0,34
BNOA153	VL	116	160	107,20	27,20	77,80	1,38	0,25
BNOA160	VL	94	150	114,20	35,80	78,80	1,45	0,31
BNOA168	VL	124	152	86,20	27,60	65,80	1,31	0,32
BNOA173	VL	122	150	85,00	26,80	62,80	1,35	0,32
BNOA180	VL	126	154	81,40	26,00	60,80	1,34	0,32
BNOA182	VL	62	118	76,00	25,80	53,80	1,41	0,34
BNOA183	VL	122	150	81,00	25,80	55,60	1,46	0,32
BNOA188	VL	72	140	113,20	35,40	88,20	1,28	0,31
BNOA193	VL	94	150	115,60	40,00	89,40	1,29	0,35
BNOA196	VL	92	145	105,00	33,40	78,80	1,33	0,32
BNOA198	VL	46	108	98,60	28,60	69,00	1,43	0,29
BNOA203	VL	108	150	105,20	33,60	76,40	1,38	0,32

BNOA204	VL	95	150	103,60	34,20	73,60	1,41	0,33
BNOA207	VL	108	150	114,00	40,20	92,20	1,24	0,35
BNOA267	VL	117	175	73,80	18,60	46,40	1,59	0,25
BNOA268	VL	131	182	84,60	25,00	65,80	1,29	0,30
BNOA269	VL	124	152	79,00	25,60	59,20	1,33	0,32
BNOA285	VL	141	204	90,80	26,60	67,60	1,34	0,29
BNOA286	VL	117	175	89,60	24,80	66,45	1,35	0,28
BNOA294	VL	108	158	110,40	36,20	83,20	1,33	0,33
BNOA295	VL	130	158	83,40	25,40	59,80	1,39	0,30
BNOA298	VL	111	160	112,40	38,20	84,00	1,34	0,34
BNOA300	VL	111	160	112,00	35,60	84,40	1,33	0,32
BNOA301	VL	120	148	85,60	24,20	63,60	1,35	0,28
BNOA302	VL	108	160	112,00	37,60	84,60	1,32	0,34
BNOA305	VL	100	165	92,40	26,60	67,80	1,36	0,29
BNOA311	VL	114	172	88,00	29,60	73,00	1,21	0,34
BNOA314	VL	100	172	89,60	26,80	63,80	1,40	0,30
BNOA318	VL	129	157	80,80	26,20	62,00	1,30	0,32
BNOA319	VL	100	170	105,20	30,20	74,80	1,41	0,29
BNOA320	VL	129	157	82,60	27,60	57,80	1,43	0,33
BNOA326	VL	100	168	78,60	23,20	54,80	1,43	0,30
BNOA337	VL	120	148	86,40	24,20	62,80	1,38	0,28
BNOA341	VL	127	183	105,80	39,60	79,00	1,34	0,37
BNOA362	VL	133	188	117,20	41,00	78,80	1,49	0,35
BNOA363	VL	109	172	82,20	25,60	65,20	1,26	0,31
BNOA375	VL	123	188	109,20	37,80	82,80	1,32	0,35
BNOA381	VL	141	195	94,60	34,00	71,20	1,33	0,36
BNOA389	VL	118	183	110,80	37,60	82,40	1,34	0,34
BNOA396	VL	109	172	72,00	26,80	61,00	1,18	0,37
BNOA397	VL	114	172	83,20	25,40	65,60	1,27	0,31
BNOA398	VL	133	188	97,20	34,80	70,20	1,38	0,36
BNOA402	VL	126	154	92,40	27,10	68,70	1,34	0,29
BNOA403	VL	127	175	70,80	23,60	52,20	1,36	0,33
BNOA404	VL	138	203	99,20	35,40	60,00	1,65	0,36
BNOA406	VL	138	203	98,40	37,20	65,80	1,50	0,38
BNOA413	VL	123	178	96,60	34,00	69,40	1,39	0,35
BNOA415	VL	133	197	99,40	33,80	71,00	1,40	0,34
BNOA439	VL	138	193	93,60	34,00	66,00	1,42	0,36
BNOA467	VL	88	150	76,80	25,60	57,80	1,33	0,33
BNOA511	VL	95	155	83,40	26,20	65,60	1,27	0,31
BNOA590	VL	109	165	80,60	24,00	64,80	1,24	0,30
BNOA591	VL	95	160	82,00	27,60	64,00	1,28	0,34
BNOA594	VL	90	150	82,20	26,60	73,40	1,12	0,32
BNOA595	VL	95	160	84,60	25,80	71,60	1,18	0,30
BNOA596	VL	95	160	90,00	26,60	67,00	1,34	0,30
BNOA597	VL	95	160	91,60	26,60	69,60	1,32	0,29
BNOA598	VL	100	165	84,20	26,40	63,80	1,32	0,31
Media	VL	113,46	163,95	95,62	30,36	71,08	1,35	0,32
D.E.	VL	19,39	18,46	14,45	5,8	11,46	0,09	0,03
Min	VL	46	108	70,8	18,6	46,4	1,12	0,25
Max	VL	141	204	134,2	43,4	105,2	1,65	0,39
Media	General	111,38	162,18	78,82	23,99	56,51	1,41	0,3

D.E.	General	16,26	18,26	17,28	6,68	14,43	0,1	0,04
Min	General	46	108	50,4	13,4	36	1,12	0,18
Max	General	150	204	134,2	43,4	105,2	1,65	0,39

Tabla III. Valores promedio, desviación estándar, mínimo y máximo de los caracteres de vaina (mm), promedio de vainas totales y rendimiento (g) de las accesiones evaluadas, generales y por grupo (Silv: silvestre; VL: Variedad local). Caracteres: LV: Longitud de la vaina; AV: Ancho de la vaina; GV: Grosor de la vaina; G/V: Granos por vaina; VTOT: Promedio de vainas totales; REND: Rendimiento.

Caracteres de vaina							
ID	Grupo	LV (mm)	AV (mm)	GV (mm)	G/V	VTOT	REND (g)
BNOA069	Silv	72,35	6,76	5,54	6	386	132,90
BNOA070	Silv	65,55	6,06	5,59	6	184	57,63
BNOA071	Silv	80,20	7,03	5,87	7	555	233,69
BNOA072	Silv	77,40	7,10	6,19	6	254	84,36
BNOA075	Silv	68,70	6,54	5,59	6	364	117,54
BNOA077	Silv	73,70	6,08	5,87	6	180	82,61
BNOA078	Silv	74,90	6,60	5,60	6	4699	1427,30
BNOA079	Silv	77,45	6,62	5,97	5	5220	738,23
BNOA080	Silv	80,75	7,19	5,42	6	3861	635,07
BNOA081	Silv	76,55	7,43	5,53	6	3017	468,76
BNOA082	Silv	83,20	6,00	5,70	7	3475	1083,40
BNOA084	Silv	69,60	6,90	5,10	6	3534	1069,60
BNOA085	Silv	76,70	7,30	6,10	6	3215	1248,90
BNOA086	Silv	80,50	6,10	5,40	6	4323	1357,60
BNOA087	Silv	76,75	6,20	5,50	6	1778	382,20
BNOA088	Silv	84,60	6,10	5,70	6	3203	566,60
BNOA089	Silv	74,40	5,30	5,30	6	5677	1411,70
BNOA090	Silv	74,40	6,00	5,70	6	5949	1852,90
BNOA091	Silv	80,70	5,80	5,70	6	3254	975,20
BNOA092	Silv	80,60	7,47	5,51	6	1739	597,30
BNOA209	Silv	64,80	7,11	5,98	5	2392	791,00
BNOA210	Silv	84,75	6,30	5,30	7	1228	364,70
BNOA211	Silv	72,65	6,70	5,70	5	733	175,60
BNOA212	Silv	76,75	5,89	5,71	6	1228	141,79
BNOA213	Silv	63,70	6,75	5,46	6	329	84,96
BNOA214	Silv	74,80	6,00	5,60	7	434	41,70
BNOA215	Silv	64,85	6,52	5,99	5	788	344,25
BNOA219	Silv	73,20	6,20	5,40	6	2918	813,00
BNOA220	Silv	72,20	5,80	5,40	6	3510	1036,00
BNOA222	Silv	77,75	7,00	5,90	6	3191	1062,90
BNOA223	Silv	74,20	7,00	5,70	6	3213	825,70
BNOA224	Silv	73,70	7,10	5,60	6	2602	853,50
BNOA225	Silv	75,25	7,20	5,20	6	2947	114,50
BNOA226	Silv	82,65	6,53	6,20	6	2824	584,05
BNOA227	Silv	83,90	6,44	6,12	7	3009	555,87
BNOA228	Silv	79,20	6,70	5,70	6	2285	424,30
BNOA229	Silv	79,05	6,47	5,66	6	5797	795,40
BNOA230	Silv	77,05	7,11	5,78	6	5822	1612,15
BNOA231	Silv	71,40	6,07	5,05	6	826	58,88
BNOA232	Silv	72,55	6,16	5,23	6	1229	129,55
BNOA233	Silv	80,00	7,28	5,88	6	2599	547,69
BNOA234	Silv	81,35	7,05	6,04	5	1742	391,28
BNOA235	Silv	74,75	6,39	5,05	6	4655	475,13
BNOA236	Silv	80,50	6,48	5,44	6	3967	618,50
BNOA237	Silv	78,45	7,01	5,48	6	4214	683,42

BNOA239	Silv	79,85	6,14	5,86	6	3563	737,40
BNOA240	Silv	68,55	6,46	5,32	5	4218	1526,60
BNOA241	Silv	83,05	6,87	5,58	6	1056	200,45
BNOA270	Silv	84,35	6,85	5,78	6	5746	1502,80
BNOA271	Silv	85,00	6,84	5,77	6	4868	933,16
BNOA272	Silv	74,20	6,64	5,43	6	4785	856,52
BNOA274	Silv	71,15	6,50	5,76	6	158	54,67
BNOA275	Silv	85,10	6,85	5,55	6	3482	727,69
BNOA277	Silv	68,60	5,10	5,10	6	2102	530,00
BNOA278	Silv	63,65	6,77	5,17	5	4492	1488,36
BNOA279	Silv	72,10	6,30	5,00	6	4292	849,70
BNOA280	Silv	80,20	6,66	5,29	6	1849	322,20
BNOA281	Silv	73,95	6,80	5,30	5	2269	454,80
BNOA282	Silv	86,65	6,00	5,60	6	1101	299,00
BNOA451	Silv	74,30	6,90	4,93	7	107	17,72
BNOA452	Silv	75,20	6,43	5,93	6	435	129,88
BNOA468	Silv	76,85	7,17	6,29	5	3158	1806,94
BNOA469	Silv	76,30	6,30	5,95	6	1693	607,71
BNOA470	Silv	73,75	6,89	5,79	6	4378	1895,42
BNOA471	Silv	83,60	7,45	6,32	6	2520	1038,71
BNOA472	Silv	75,60	6,67	5,86	5	4908	1933,64
BNOA473	Silv	79,20	6,37	5,24	6	4005	1964,28
BNOA474	Silv	74,45	7,52	5,26	5	3385	1425,55
BNOA475	Silv	80,05	7,10	5,52	6	1301	825,31
BNOA476	Silv	75,50	6,09	5,70	5	1095	1110,82
BNOA477	Silv	70,55	6,94	5,42	5	135	36,94
BNOA481	Silv	78,55	6,90	6,20	6	4266	1715,53
BNOA482	Silv	82,30	6,72	6,12	6	1842	958,65
BNOA483	Silv	79,75	6,48	5,80	6	3421	1751,84
BNOA484	Silv	74,25	6,50	5,15	6	458	2195,94
BNOA485	Silv	81,20	7,17	4,93	6	3139	1050,12
BNOA486	Silv	76,00	5,84	5,34	6	5011	2247,53
BNOA487	Silv	76,45	6,95	5,41	6	5104	2356,92
BNOA488	Silv	70,50	6,18	5,62	6	2994	1395,20
BNOA489	Silv	80,35	6,51	5,36	6	2554	1447,66
BNOA490	Silv	76,85	5,98	5,71	6	3647	1288,92
BNOA492	Silv	72,75	5,98	5,55	6	5744	2482,61
BNOA493	Silv	76,90	6,10	5,73	6	3982	1791,25
BNOA494	Silv	73,25	6,41	5,91	6	2343	1193,60
BNOA495	Silv	77,70	6,58	5,53	6	4327	1892,69
BNOA496	Silv	75,60	6,02	5,34	6	6437	2579,75
BNOA497	Silv	73,65	6,26	5,21	6	4044	1953,30
BNOA498	Silv	80,83	6,90	5,89	6	5583	2759,14
BNOA499	Silv	78,30	6,81	6,12	6	3924	2495,15
BNOA500	Silv	74,15	6,61	5,65	6	5026	2384,35
BNOA502	Silv	75,80	6,36	5,69	5	2960	1298,62
BNOA503	Silv	72,35	6,71	5,54	6	1222	366,09
BNOA504	Silv	84,05	9,10	5,33	6	514	116,02
BNOA506	Silv	76,40	6,15	5,63	6	543	164,55
BNOA508	Silv	78,15	6,58	6,04	6	2276	1095,50
BNOA509	Silv	64,05	6,69	5,70	5	1842	726,48

BNOA510	Silv	74,25	6,85	6,20	5	3012	1545,80
BNOA512	Silv	76,50	7,11	5,94	6	3555	1710,95
BNOA514	Silv	67,25	6,08	5,50	6	2070	954,77
BNOA519	Silv	70,29	6,69	5,93	6	3011	1513,26
BNOA520	Silv	76,30	6,21	5,89	5	1300	658,60
BNOA521	Silv	75,75	6,41	5,76	6	1266	596,05
BNOA522	Silv	77,60	6,11	5,90	7	2134	1033,25
BNOA523	Silv	79,50	6,54	6,16	6	1784	976,55
BNOA524	Silv	78,30	6,97	6,07	6	1792	1060,54
BNOA525	Silv	74,00	6,30	5,25	6	202	45,83
BNOA528	Silv	75,90	6,40	5,45	6	3996	1390,47
BNOA529	Silv	80,25	6,16	5,65	6	5105	1660,04
BNOA556	Silv	83,75	7,94	5,09	6	1810	686,68
BNOA557	Silv	82,40	7,87	5,56	6	2176	819,20
BNOA558	Silv	78,25	8,64	5,49	6	1485	619,50
BNOA559	Silv	79,80	7,61	5,78	6	1380	589,20
BNOA560	Silv	78,16	8,08	5,12	6	2111	771,39
BNOA561	Silv	74,80	7,43	5,37	6	462	163,08
BNOA562	Silv	62,60	7,17	4,22	5	345	108,64
BNOA563	Silv	74,75	8,31	5,64	6	849	346,72
BNOA564	Silv	67,95	7,07	5,18	6	537	165,62
BNOA565	Silv	66,25	7,93	4,53	5	2212	639,87
BNOA566	Silv	74,60	7,12	4,36	6	1723	509,37
BNOA567	Silv	72,05	6,72	4,87	6	1712	549,85
BNOA568	Silv	73,30	6,83	4,92	6	1852	627,92
BNOA569	Silv	78,55	6,10	5,39	6	2147	936,44
BNOA570	Silv	78,50	6,75	5,11	7	1733	683,43
BNOA571	Silv	75,25	6,71	4,76	6	3592	1161,80
BNOA572	Silv	77,35	6,67	4,35	7	705	197,15
BNOA573	Silv	78,30	7,20	4,68	6	1748	578,82
BNOA574	Silv	74,35	6,97	4,68	6	855	247,49
BNOA575	Silv	77,10	7,63	4,89	6	795	235,17
BNOA576	Silv	75,80	7,78	4,95	6	119	377,70
BNOA577	Silv	74,15	7,47	4,57	6	1210	420,25
BNOA578	Silv	73,50	7,27	3,88	6	467	157,69
BNOA579	Silv	68,00	7,45	4,00	6	407	138,58
BNOA580	Silv	69,60	6,96	3,81	5	405	115,12
BNOA581	Silv	64,93	7,19	4,18	5	488	142,80
BNOA582	Silv	72,25	6,66	4,66	6	694	273,15
BNOA583	Silv	62,38	6,87	4,29	6	362	105,55
BNOA584	Silv	72,85	7,25	4,82	6	620	212,92
BNOA588	Silv	66,80	6,49	5,59	6	731	319,58
BNOA592	Silv	71,95	6,10	4,77	6	829	219,40
BNOA593	Silv	73,45	5,41	5,24	6	750	249,65
BNOA708	Silv	83,70	7,70	5,40	6	1404	657,75
BNOA718	Silv	86,55	7,69	4,97	7	351	149,15
Media	Silv	75,71	6,73	5,45	5,92	2408,07	833,49
D.E.	Silv	5,26	0,62	0,5	0,46	1670,40	662,50
Min	Silv	62,38	5,1	3,81	5	107	17,72
Max	Silv	86,65	9,1	6,32	7	6437	2759,14

Caracteres de vaina							
ID	Grupo	LV (mm)	AV (mm)	GV (mm)	G/V	VTOT	REND (g)
BNOA002	VL	117,45	10,86	8,30	5	520	380,13
BNOA018	VL	122,50	11,98	9,41	5	868	2242,30
BNOA019	VL	117,15	12,22	9,29	4	580	680,00
BNOA026	VL	127,65	11,93	8,97	5	576	702,30
BNOA036	VL	120,95	10,76	9,35	5	680	1160,15
BNOA037	VL	88,35	7,70	6,06	6	844	280,10
BNOA038	VL	126,10	9,10	7,70	5	504	333,50
BNOA039	VL	121,15	11,33	9,55	5	109	193,07
BNOA044	VL	130,35	10,89	8,07	6	1618	3604,81
BNOA046	VL	128,15	11,46	9,39	5	2524	5832,58
BNOA050	VL	180,95	12,63	9,77	4	887	2692,20
BNOA052	VL	118,20	9,88	8,42	5	2594	4956,67
BNOA054	VL	122,20	9,22	8,23	5	885	1302,24
BNOA056	VL	113,80	11,10	9,20	5	1708	3154,17
BNOA057	VL	116,15	10,88	8,55	5	1580	2585,97
BNOA060	VL	118,25	12,37	9,03	5	404	491,10
BNOA061	VL	110,75	12,91	9,17	5	806	1181,40
BNOA062	VL	113,55	11,08	8,88	5	690	761,90
BNOA065	VL	121,25	10,05	8,11	6	2286	2742,64
BNOA066	VL	120,20	12,88	11,58	4	1941	5253,49
BNOA068	VL	119,35	13,79	10,46	5	1055	2913,15
BNOA093	VL	98,70	8,06	6,67	6	2727	2901,09
BNOA098	VL	128,80	10,21	8,88	5	746	1294,60
BNOA101	VL	111,75	11,65	10,66	6	1269	2918,07
BNOA108	VL	109,80	11,21	10,04	6	715	1635,62
BNOA111	VL	112,75	10,32	6,89	5	180	203,61
BNOA112	VL	117,50	8,58	7,32	5	743	837,25
BNOA115	VL	115,50	10,85	9,16	5	1102	1863,08
BNOA128	VL	113,68	11,60	7,32	5	260	378,71
BNOA131	VL	106,20	12,21	8,15	5	98	43,65
BNOA132	VL	118,20	11,86	8,45	5	367	333,70
BNOA140	VL	165,00	9,53	8,72	7	974	1605,50
BNOA143	VL	119,00	12,88	8,27	5	1799	2820,85
BNOA145	VL	132,25	9,69	6,86	5	239	332,90
BNOA149	VL	122,30	11,94	9,10	5	2308	4581,68
BNOA150	VL	127,15	12,44	8,75	5	2218	4702,41
BNOA153	VL	132,00	10,37	9,19	5	480	882,54
BNOA160	VL	132,25	11,10	9,86	4	3687	6768,45
BNOA168	VL	121,00	11,05	8,26	6	722	562,40
BNOA173	VL	121,30	10,20	8,49	6	728	825,02
BNOA180	VL	127,95	12,34	7,46	5	207	232,87
BNOA182	VL	134,80	13,12	11,07	6	865	2619,52
BNOA183	VL	113,85	11,69	7,52	5	187	102,60
BNOA188	VL	118,20	11,18	9,57	5	4696	9391,86
BNOA193	VL	100,90	12,54	9,25	5	4376	7194,70
BNOA196	VL	124,45	11,94	8,93	6	3294	6199,79
BNOA198	VL	135,25	9,44	7,85	7	1626	2864,07
BNOA203	VL	121,50	12,14	9,81	4	1575	3832,74
BNOA204	VL	134,35	12,93	9,87	6	3864	9569,10

BNOA207	VL	121,05	12,16	8,78	6	1550	2944,75
BNOA267	VL	117,65	10,35	8,66	6	692	894,80
BNOA268	VL	116,25	10,89	6,85	5	706	1051,79
BNOA269	VL	102,84	12,27	8,84	4	739	672,28
BNOA285	VL	108,50	8,82	6,76	5	1161	1322,93
BNOA286	VL	106,40	10,81	9,02	5	1429	1348,50
BNOA294	VL	99,43	10,70	9,14	5	1875	2927,30
BNOA295	VL	106,30	10,78	7,84	6	319	241,27
BNOA298	VL	131,80	10,82	8,80	5	1906	2827,55
BNOA300	VL	144,15	10,50	9,05	5	1072	1721,33
BNOA301	VL	115,85	10,88	8,35	5	261	265,34
BNOA302	VL	130,55	12,67	9,48	4	2994	5265,82
BNOA305	VL	110,25	10,93	8,72	5	597	796,02
BNOA311	VL	107,00	11,10	7,92	5	143	185,08
BNOA314	VL	101,90	11,30	8,38	4	302	329,09
BNOA318	VL	118,85	11,26	8,06	5	249	124,03
BNOA319	VL	122,35	9,96	8,81	5	758	1026,05
BNOA320	VL	113,75	11,02	6,96	6	99	31,25
BNOA326	VL	79,45	11,49	8,63	4	292	336,21
BNOA337	VL	108,05	10,72	8,07	5	293	303,48
BNOA341	VL	109,10	10,68	8,29	5	1228	1793,60
BNOA362	VL	136,30	11,06	8,40	6	1780	2718,02
BNOA363	VL	104,65	11,09	8,39	5	294	358,08
BNOA375	VL	109,95	9,01	7,33	6	1654	1809,73
BNOA381	VL	101,30	9,94	7,34	5	1089	1109,73
BNOA389	VL	143,00	14,69	9,90	5	692	1848,35
BNOA396	VL	104,10	9,32	8,12	5	238	285,61
BNOA397	VL	106,89	8,42	7,25	5	319	198,71
BNOA398	VL	103,50	8,41	6,67	6	2340	2116,57
BNOA402	VL	121,00	10,79	8,61	5	364	297,07
BNOA403	VL	92,60	8,76	6,64	6	368	264,19
BNOA404	VL	106,45	11,38	8,76	5	1306	1436,52
BNOA406	VL	108,70	8,96	6,62	6	1332	1045,33
BNOA413	VL	103,25	8,54	6,90	6	842	831,07
BNOA415	VL	116,55	10,03	8,26	5	1239	1153,45
BNOA439	VL	110,00	9,27	6,92	6	1627	1564,28
BNOA467	VL	116,35	13,30	10,67	4	397	617,26
BNOA511	VL	120,35	14,23	10,18	4	419	789,46
BNOA590	VL	113,95	9,55	8,20	6	251	281,03
BNOA591	VL	104,55	10,27	8,55	5	357	407,01
BNOA594	VL	92,85	12,55	9,94	4	932	1548,68
BNOA595	VL	97,95	13,16	9,75	4	1194	1966,39
BNOA596	VL	113,55	10,32	8,53	5	524	535,72
BNOA597	VL	132,45	10,23	8,02	5	535	661,88
BNOA598	VL	106,75	10,28	7,20	6	189	252,35
Media.	VL	117,12	10,980	8,54	5,16	1113,38	1823,91
D.E.	VL	14,4	1,41	1,09	0,68	972,81	1989,88
Min	VL	79,45	7,7	6,06	4,00	98,00	31,25
Max	VL	180,95	14,69	11,58	7	4696	9569,10
Media	General	92,2	8,4219	6,68	5,62	1892,39	1227,98
D.E.	General	22,61	2,3136	1,71	0,67	1565,92	1437,51

Min	General	62,38	5,1	3,81	4	98	17,72
Max	General	180,95	14,69	11,58	7	6437	9569,10

Tabla IV. Valores promedio, desviación estándar, mínimo y máximo de los caracteres de semilla (mm) y peso de 100 semillas (g) de las accesiones evaluadas, generales y por grupo (Silv: Silvestre; VL: Variedad local). Caracteres: LS: Longitud de la semilla; AS: Ancho de la semilla; GS: Grosor de la semilla; P100S: Peso de 100 semillas.

Caracteres de semilla					
ID	Grupo	LS (mm)	AS (mm)	GS (mm)	P100S (g)
BNOA069	Silv	8,00	5,00	2,72	8,36
BNOA070	Silv	7,04	4,81	2,64	7,01
BNOA071	Silv	7,88	5,21	2,80	6,94
BNOA072	Silv	8,27	5,61	3,04	10,53
BNOA075	Silv	7,64	5,18	2,96	7,13
BNOA077	Silv	7,61	4,86	2,62	6,93
BNOA078	Silv	7,23	4,94	2,45	7,69
BNOA079	Silv	8,28	5,16	2,74	8,42
BNOA080	Silv	8,06	5,08	2,67	7,67
BNOA081	Silv	8,21	5,07	2,77	8,57
BNOA082	Silv	6,97	4,52	2,24	6,18
BNOA084	Silv	6,83	4,62	2,43	6,72
BNOA085	Silv	7,60	5,09	2,40	7,79
BNOA086	Silv	7,00	4,60	2,30	6,75
BNOA087	Silv	7,03	4,56	2,24	5,62
BNOA088	Silv	7,36	4,71	2,53	6,55
BNOA089	Silv	6,70	4,55	2,50	6,49
BNOA090	Silv	7,36	4,52	2,40	6,65
BNOA091	Silv	7,62	4,45	2,55	7,77
BNOA092	Silv	8,15	5,48	3,05	9,09
BNOA209	Silv	7,61	5,46	2,72	9,64
BNOA210	Silv	6,95	4,47	2,41	6,17
BNOA211	Silv	7,20	4,93	2,46	7,46
BNOA212	Silv	7,47	4,91	2,82	7,62
BNOA213	Silv	7,55	5,00	2,66	7,32
BNOA214	Silv	7,53	4,75	2,36	7,64
BNOA215	Silv	7,84	5,42	2,69	10,19
BNOA219	Silv	6,92	4,45	2,37	5,72
BNOA220	Silv	6,76	4,43	2,32	5,93
BNOA222	Silv	7,26	4,65	2,55	7,54
BNOA223	Silv	6,61	4,46	2,37	6,11

BNOA224	Silv	7,40	4,86	2,50	7,84
BNOA225	Silv	7,17	4,84	2,56	7,09
BNOA226	Silv	7,87	5,17	2,95	8,27
BNOA227	Silv	7,84	5,07	3,02	8,62
BNOA228	Silv	6,78	4,58	2,15	5,68
BNOA229	Silv	7,78	4,80	2,79	8,09
BNOA230	Silv	8,04	5,33	3,11	10,12
BNOA231	Silv	7,53	4,62	2,60	6,19
BNOA232	Silv	7,38	4,62	2,59	6,29
BNOA233	Silv	8,82	5,39	2,80	9,69
BNOA234	Silv	8,71	5,18	2,84	9,26
BNOA235	Silv	7,18	4,67	2,55	6,28
BNOA236	Silv	8,07	5,20	2,71	7,93
BNOA237	Silv	7,52	4,99	2,63	7,80
BNOA239	Silv	7,91	4,95	2,79	8,22
BNOA240	Silv	7,39	4,71	2,89	8,20
BNOA241	Silv	7,93	4,94	2,65	6,91
BNOA270	Silv	8,12	5,20	2,96	9,42
BNOA271	Silv	8,32	4,95	2,87	10,40
BNOA272	Silv	7,78	4,96	2,74	8,14
BNOA274	Silv	7,91	4,98	3,25	10,64
BNOA275	Silv	8,43	5,08	2,90	9,30
BNOA277	Silv	6,65	4,42	2,31	5,95
BNOA278	Silv	7,59	4,96	3,14	8,23
BNOA279	Silv	6,71	4,56	2,36	5,82
BNOA280	Silv	7,81	4,86	2,68	7,14
BNOA281	Silv	6,87	4,67	2,18	5,62
BNOA282	Silv	8,10	4,67	2,74	8,13
BNOA451	Silv	7,47	5,01	2,62	6,77
BNOA452	Silv	7,81	5,12	2,68	8,40
BNOA468	Silv	8,82	5,66	3,13	12,04
BNOA469	Silv	7,39	4,73	2,80	8,61
BNOA470	Silv	7,65	5,12	2,75	10,74
BNOA471	Silv	8,36	5,29	2,89	10,01
BNOA472	Silv	8,19	5,45	2,88	9,76

BNOA473	Silv	8,14	5,18	2,80	8,73
BNOA474	Silv	8,12	5,49	2,86	8,90
BNOA475	Silv	8,72	5,51	2,89	11,68
BNOA476	Silv	8,14	5,23	3,02	9,83
BNOA477	Silv	7,66	5,31	2,61	8,89
BNOA481	Silv	8,17	5,38	3,07	8,23
BNOA482	Silv	8,42	5,54	3,05	10,08
BNOA483	Silv	8,13	5,26	2,70	10,28
BNOA484	Silv	7,58	5,25	2,79	9,28
BNOA485	Silv	7,77	5,09	2,55	7,90
BNOA486	Silv	7,90	4,90	2,54	8,83
BNOA487	Silv	7,71	5,11	2,73	8,67
BNOA488	Silv	7,34	5,12	2,78	8,83
BNOA489	Silv	7,85	5,01	2,72	10,60
BNOA490	Silv	7,02	4,77	2,46	7,47
BNOA492	Silv	7,61	4,87	2,62	8,32
BNOA493	Silv	7,54	5,24	2,79	8,87
BNOA494	Silv	7,87	5,32	2,72	9,48
BNOA495	Silv	7,44	5,03	2,73	8,26
BNOA496	Silv	6,72	4,66	2,48	8,06
BNOA497	Silv	7,99	5,32	2,76	9,86
BNOA498	Silv	7,86	5,08	2,69	8,69
BNOA499	Silv	8,29	5,50	2,84	10,44
BNOA500	Silv	7,27	5,11	2,50	8,64
BNOA502	Silv	8,21	4,95	2,80	9,31
BNOA503	Silv	7,85	5,11	2,74	8,25
BNOA504	Silv	7,82	4,96	2,55	7,03
BNOA506	Silv	7,68	4,93	2,65	7,30
BNOA508	Silv	8,00	5,27	2,92	10,49
BNOA509	Silv	7,84	5,39	2,96	11,05
BNOA510	Silv	8,53	5,45	3,07	12,26
BNOA512	Silv	8,66	5,46	2,83	10,39
BNOA514	Silv	7,31	4,94	2,77	8,76
BNOA519	Silv	7,73	5,48	2,92	9,43
BNOA520	Silv	8,36	5,23	2,89	9,98

BNOA521	Silv	7,69	5,27	2,86	9,73
BNOA522	Silv	7,66	5,15	2,66	8,26
BNOA523	Silv	8,63	5,58	2,94	11,38
BNOA524	Silv	8,60	5,84	3,02	12,88
BNOA525	Silv	7,37	4,92	2,73	7,57
BNOA528	Silv	7,53	4,75	2,57	8,92
BNOA529	Silv	7,88	4,83	2,60	8,10
BNOA556	Silv	7,88	5,13	2,71	8,72
BNOA557	Silv	8,35	5,22	2,79	9,19
BNOA558	Silv	8,37	5,44	3,09	8,69
BNOA559	Silv	8,27	5,15	3,37	9,02
BNOA560	Silv	8,10	5,22	2,81	8,39
BNOA561	Silv	7,80	5,09	2,73	9,80
BNOA562	Silv	7,05	4,65	2,13	7,89
BNOA563	Silv	8,17	5,58	3,13	9,38
BNOA564	Silv	7,22	5,11	2,70	6,83
BNOA565	Silv	7,80	5,23	2,55	8,06
BNOA566	Silv	7,05	4,63	2,36	6,36
BNOA567	Silv	7,19	4,75	2,60	7,35
BNOA568	Silv	7,03	4,69	2,56	7,54
BNOA569	Silv	7,93	4,62	2,74	9,24
BNOA570	Silv	7,68	4,94	2,62	7,50
BNOA571	Silv	7,50	4,55	2,78	6,28
BNOA572	Silv	6,50	4,22	2,11	5,32
BNOA573	Silv	7,54	4,86	2,58	7,27
BNOA574	Silv	7,07	4,69	2,42	6,58
BNOA575	Silv	7,63	5,06	2,67	6,98
BNOA576	Silv	7,61	4,93	2,77	6,76
BNOA577	Silv	7,54	4,91	2,62	7,70
BNOA578	Silv	7,00	4,69	2,18	7,07
BNOA579	Silv	6,75	4,47	2,37	7,42
BNOA580	Silv	6,97	4,56	2,18	6,47
BNOA581	Silv	7,06	4,78	2,32	8,62
BNOA582	Silv	7,26	4,54	2,30	7,12
BNOA583	Silv	6,89	4,44	2,37	6,75

BNOA584	Silv	7,07	4,80	2,37	7,16
BNOA588	Silv	7,48	5,25	3,03	7,24
BNOA592	Silv	6,36	4,26	2,19	6,70
BNOA593	Silv	7,16	4,40	2,53	7,73
BNOA708	Silv	8,54	5,27	3,20	10,47
BNOA718	Silv	7,98	5,06	3,27	9,47
Media	Silv	7,65	4,98	2,68	8,24
D.E.	Silv	0,54	0,33	0,26	1,52
Min	Silv	6,36	4,22	2,11	5,32
Max	Silv	8,82	5,84	3,37	12,88
Caracteres de semilla					
ID	Grupo	LS (mm)	AS (mm)	GS (mm)	P100S (g)
BNOA002	VL	12,30	7,33	5,09	31,13
BNOA018	VL	14,95	8,49	5,43	47,91
BNOA019	VL	14,42	8,47	6,17	55,30
BNOA026	VL	14,14	8,03	5,54	44,50
BNOA036	VL	12,84	8,38	6,16	40,85
BNOA037	VL	8,92	5,81	3,78	40,01
BNOA038	VL	11,54	6,76	4,55	25,60
BNOA039	VL	12,10	8,19	5,92	45,01
BNOA044	VL	12,61	7,85	6,13	47,90
BNOA046	VL	14,01	8,38	6,18	51,02
BNOA050	VL	17,66	9,23	6,47	42,45
BNOA052	VL	12,92	7,60	5,78	42,23
BNOA054	VL	12,92	7,65	5,62	38,32
BNOA056	VL	13,04	8,37	5,89	42,23
BNOA057	VL	13,48	8,31	6,07	48,50
BNOA060	VL	13,69	8,02	5,73	50,90
BNOA061	VL	14,07	8,74	6,48	51,00
BNOA062	VL	12,90	7,80	5,17	35,20
BNOA065	VL	12,32	7,69	5,83	34,20
BNOA066	VL	16,16	10,12	7,22	72,86
BNOA068	VL	15,81	10,18	6,67	66,17
BNOA093	VL	10,15	6,59	3,93	27,70
BNOA098	VL	12,84	7,75	6,39	43,60

BNOA101	VL	11,12	9,16	7,42	56,76
BNOA108	VL	11,48	9,02	6,63	44,34
BNOA111	VL	12,60	7,49	5,02	33,80
BNOA112	VL	12,10	7,09	5,07	38,60
BNOA115	VL	13,06	8,53	5,98	44,20
BNOA128	VL	13,50	8,34	5,72	42,90
BNOA131	VL	10,49	7,79	6,47	33,70
BNOA132	VL	12,24	7,45	5,82	34,30
BNOA140	VL	14,72	7,58	4,99	29,04
BNOA143	VL	13,70	8,61	6,09	47,34
BNOA145	VL	14,13	7,24	5,39	43,40
BNOA149	VL	13,54	8,36	6,10	50,12
BNOA150	VL	15,02	9,33	6,68	68,03
BNOA153	VL	13,95	8,47	5,79	41,01
BNOA160	VL	15,50	8,50	5,96	55,90
BNOA168	VL	12,76	7,54	5,19	34,90
BNOA173	VL	12,81	7,81	5,93	41,80
BNOA180	VL	13,21	7,59	5,84	33,10
BNOA182	VL	14,10	9,70	7,31	69,90
BNOA183	VL	12,39	8,66	6,43	48,00
BNOA188	VL	13,84	8,78	6,49	54,11
BNOA193	VL	13,50	8,73	6,18	48,60
BNOA196	VL	13,44	8,06	5,77	54,58
BNOA198	VL	12,07	6,81	4,58	29,59
BNOA203	VL	15,17	9,06	7,04	61,46
BNOA204	VL	14,47	9,04	6,17	59,50
BNOA207	VL	13,14	7,97	6,42	53,49
BNOA267	VL	12,28	8,03	5,08	31,80
BNOA268	VL	14,10	8,48	5,53	41,00
BNOA269	VL	13,60	7,93	5,45	41,50
BNOA285	VL	12,19	7,19	5,41	34,53
BNOA286	VL	12,16	8,26	6,11	32,50
BNOA294	VL	10,09	8,04	6,77	37,43
BNOA295	VL	12,38	7,67	5,04	19,60
BNOA298	VL	13,90	7,75	5,72	54,15

BNOA300	VL	16,99	8,00	5,39	60,94
BNOA301	VL	12,89	7,53	4,74	40,80
BNOA302	VL	15,81	9,22	6,34	72,07
BNOA305	VL	11,88	7,82	5,28	44,20
BNOA311	VL	12,19	7,54	5,26	48,32
BNOA314	VL	13,13	8,40	5,63	51,32
BNOA318	VL	13,87	7,98	5,04	44,92
BNOA319	VL	12,76	7,70	5,46	38,80
BNOA320	VL	11,95	7,03	4,95	16,38
BNOA326	VL	9,93	8,41	6,76	42,38
BNOA337	VL	12,04	7,51	5,18	33,68
BNOA341	VL	12,71	8,07	5,38	36,00
BNOA362	VL	12,41	7,78	6,53	34,50
BNOA363	VL	12,58	8,27	5,54	45,40
BNOA375	VL	11,35	7,14	5,17	36,50
BNOA381	VL	11,50	7,34	5,35	31,36
BNOA389	VL	16,38	9,33	6,94	76,34
BNOA396	VL	12,03	7,48	5,54	43,62
BNOA397	VL	11,36	6,74	4,82	27,72
BNOA398	VL	11,64	7,31	5,85	28,97
BNOA402	VL	13,32	7,78	4,89	33,50
BNOA403	VL	9,18	5,96	3,69	50,39
BNOA404	VL	12,50	8,26	6,60	41,43
BNOA406	VL	10,25	6,43	4,04	19,90
BNOA413	VL	10,44	6,48	4,41	27,08
BNOA415	VL	12,05	7,67	5,65	37,50
BNOA439	VL	11,36	6,76	4,58	64,38
BNOA467	VL	16,48	9,14	6,61	78,00
BNOA511	VL	16,22	8,79	6,62	73,50
BNOA590	VL	12,05	7,33	5,40	28,63
BNOA591	VL	11,29	7,27	5,55	30,80
BNOA594	VL	15,55	9,05	6,30	65,20
BNOA595	VL	14,16	9,11	6,77	60,20
BNOA596	VL	11,76	7,10	5,36	32,20
BNOA597	VL	14,43	7,66	5,45	39,50

BNOA598	VL	11,44	7,16	4,89	48,20
Media	VL	13,00	7,98	5,72	44,19
D.E.	VL	1,69	0,84	0,77	13,13
Min	VL	8,92	5,81	3,69	16,38
Max	VL	17,66	10,18	7,42	78,00
Media	General	9,78	6,18	3,89	22,56
D.E.Total	General	2,86	1,58	1,58	19,51
Min	General	6,36	4,22	2,11	5,32
Max	General	17,66	10,18	7,42	78,00

Tabla V. Valores promedio, desviación estándar, mínimo y máximo de los caracteres de bractéolas de las accesiones evaluadas (mm), generales y por grupo (Silv: Silvestre; VL: Variedad local). Caracteres: NBR: número de nervaduras por bractéola; LBR: Longitud de la bractéola; ABR: Ancho de la bractéola.

Caracteres de bractéolas				
ID	Grupo	NBR	LBR (mm)	ABR (mm)
BNOA069	Silv	6	4,230	2,430
BNOA070	Silv	7	4,350	2,475
BNOA071	Silv	6	4,395	2,400
BNOA072	Silv	6	4,230	2,445
BNOA075	Silv	6	3,375	1,905
BNOA077	Silv	8	3,375	2,085
BNOA078	Silv	8	4,260	2,865
BNOA079	Silv	8	4,180	2,233
BNOA080	Silv	8	4,202	2,486
BNOA081	Silv	9	3,597	2,002
BNOA082	Silv	8	4,400	2,660
BNOA084	Silv	9	5,280	3,300
BNOA085	Silv	10	4,081	2,706
BNOA086	Silv	8	4,433	2,838
BNOA087	Silv	8	4,695	2,580
BNOA088	Silv	8	4,680	2,625
BNOA089	Silv	8	3,630	2,475
BNOA090	Silv	9	4,275	2,775
BNOA091	Silv	9	4,815	2,865
BNOA092	Silv	6	5,205	3,015
BNOA209	Silv	7	4,395	2,535
BNOA210	Silv	8	4,965	2,805
BNOA211	Silv	6	3,945	1,935
BNOA212	Silv	8	3,949	2,704
BNOA213	Silv	6	5,100	2,715
BNOA214	Silv	10	3,390	2,370
BNOA215	Silv	9	4,140	2,520
BNOA219	Silv	9	4,650	2,670
BNOA220	Silv	9	4,830	2,310
BNOA222	Silv	8	4,125	2,490

BNOA223	Silv	8	4,275	2,370
BNOA224	Silv	9	5,160	2,760
BNOA225	Silv	10	5,140	3,000
BNOA226	Silv	10	4,037	2,695
BNOA227	Silv	10	3,707	2,453
BNOA228	Silv	8	4,545	2,670
BNOA229	Silv	8	4,026	2,310
BNOA230	Silv	7	4,488	2,860
BNOA231	Silv	9	3,630	2,233
BNOA232	Silv	8	3,828	2,508
BNOA233	Silv	6	4,268	2,431
BNOA234	Silv	8	4,400	2,497
BNOA235	Silv	9	4,169	2,728
BNOA236	Silv	9	3,289	2,299
BNOA237	Silv	10	3,762	2,453
BNOA239	Silv	9	4,004	2,343
BNOA240	Silv	8	3,388	1,936
BNOA241	Silv	7	4,114	2,563
BNOA270	Silv	9	3,751	2,398
BNOA271	Silv	9	4,070	2,970
BNOA272	Silv	8	3,575	2,431
BNOA274	Silv	7	4,245	2,505
BNOA275	Silv	8	4,114	2,354
BNOA277	Silv	8	4,092	2,310
BNOA278	Silv	7	4,440	2,565
BNOA279	Silv	7	4,230	2,175
BNOA280	Silv	9	3,828	2,618
BNOA281	Silv	9	4,605	3,045
BNOA282	Silv	9	4,800	2,640
BNOA451	Silv	8	4,170	2,895
BNOA452	Silv	7	4,260	3,120
BNOA468	Silv	8	4,440	2,400
BNOA469	Silv	5	3,330	1,935
BNOA470	Silv	7	4,215	2,460
BNOA471	Silv	7	3,915	2,475

BNOA472	Silv	7	4,185	2,235
BNOA473	Silv	9	3,645	2,625
BNOA474	Silv	7	3,949	2,123
BNOA475	Silv	9	3,900	2,625
BNOA476	Silv	10	4,320	2,730
BNOA477	Silv	7	4,335	2,730
BNOA481	Silv	8	3,780	2,565
BNOA482	Silv	9	3,900	2,025
BNOA483	Silv	9	3,990	2,310
BNOA484	Silv	9	3,735	2,205
BNOA485	Silv	10	4,290	2,453
BNOA486	Silv	10	3,870	2,535
BNOA487	Silv	10	4,095	2,595
BNOA488	Silv	9	3,855	1,905
BNOA489	Silv	9	3,810	2,265
BNOA490	Silv	7	4,410	2,490
BNOA492	Silv	11	4,050	2,325
BNOA493	Silv	10	4,200	2,325
BNOA494	Silv	9	3,870	2,445
BNOA495	Silv	10	3,630	2,340
BNOA496	Silv	7	3,570	2,490
BNOA497	Silv	12	4,155	2,670
BNOA498	Silv	10	4,185	2,580
BNOA499	Silv	9	3,705	1,965
BNOA500	Silv	12	3,975	3,150
BNOA502	Silv	9	3,090	2,235
BNOA503	Silv	8	4,200	2,625
BNOA504	Silv	8	3,975	2,925
BNOA506	Silv	7	3,870	2,490
BNOA508	Silv	11	3,510	2,250
BNOA509	Silv	9	3,825	2,550
BNOA510	Silv	9	4,035	2,310
BNOA512	Silv	11	3,690	2,670
BNOA514	Silv	11	3,900	2,820
BNOA519	Silv	10	3,135	1,815

BNOA520	Silv	8	3,900	2,325
BNOA521	Silv	10	3,315	2,280
BNOA522	Silv	9	2,915	2,200
BNOA523	Silv	7	3,765	2,340
BNOA524	Silv	10	4,020	2,940
BNOA525	Silv	8	3,840	2,745
BNOA528	Silv	7	4,470	2,520
BNOA529	Silv	8	3,735	2,475
BNOA556	Silv	11	4,312	2,761
BNOA557	Silv	8	4,035	2,760
BNOA558	Silv	8	3,765	2,565
BNOA559	Silv	10	4,928	2,915
BNOA560	Silv	9	4,230	2,460
BNOA561	Silv	9	3,855	2,625
BNOA562	Silv	8	4,545	2,775
BNOA563	Silv	6	3,915	1,950
BNOA564	Silv	7	3,825	2,460
BNOA565	Silv	7	3,645	2,460
BNOA566	Silv	8	4,110	2,610
BNOA567	Silv	9	3,630	2,486
BNOA568	Silv	9	4,530	2,760
BNOA569	Silv	11	4,004	2,596
BNOA570	Silv	10	3,971	2,618
BNOA571	Silv	9	3,945	2,730
BNOA572	Silv	9	3,894	2,453
BNOA573	Silv	10	4,620	3,157
BNOA574	Silv	8	4,440	2,475
BNOA575	Silv	8	4,620	3,240
BNOA576	Silv	10	4,155	3,045
BNOA577	Silv	11	4,862	3,014
BNOA578	Silv	8	4,380	2,985
BNOA579	Silv	9	4,800	2,985
BNOA580	Silv	8	3,945	2,400
BNOA581	Silv	8	3,915	2,625
BNOA582	Silv	10	5,085	3,135

BNOA583	Silv	10	3,883	2,442
BNOA584	Silv	8	3,360	2,310
BNOA588	Silv	6	3,450	1,605
BNOA592	Silv	7	3,570	2,070
BNOA593	Silv	11	4,125	2,343
BNOA708	Silv	11	3,930	2,970
BNOA718	Silv	11	4,125	3,105
Media	Silv	8,53	4,088	2,533
D.E.	Silv	1,40	0,450	0,310
Min	Silv	5	2,915	1,605
Max	Silv	12	5,280	3,300
Caracteres de bractéolas				
ID	Grupo	NBR	LBR (mm)	ABR (mm)
BNOA002	VL	10	5,160	2,910
BNOA018	VL	9	4,515	2,685
BNOA019	VL	10	5,040	3,255
BNOA026	VL	11	4,500	3,675
BNOA036	VL	14	5,565	4,365
BNOA037	VL	12	4,905	3,015
BNOA038	VL	10	5,569	3,281
BNOA039	VL	12	5,535	4,050
BNOA044	VL	10	5,550	3,150
BNOA046	VL	12	5,700	4,200
BNOA050	VL	11	5,580	3,300
BNOA052	VL	11	4,575	3,330
BNOA054	VL	10	5,200	3,680
BNOA056	VL	13	4,245	3,210
BNOA057	VL	10	5,310	2,880
BNOA060	VL	10	5,175	3,765
BNOA061	VL	8	4,695	2,910
BNOA062	VL	10	4,350	2,955
BNOA065	VL	8	5,550	3,225
BNOA066	VL	12	5,880	4,245
BNOA068	VL	9	5,235	2,610
BNOA093	VL	12	5,400	4,575

BNOA098	VL	9	5,640	3,540
BNOA101	VL	11	3,705	2,610
BNOA108	VL	11	3,885	3,105
BNOA111	VL	7	5,055	2,325
BNOA112	VL	9	5,625	3,150
BNOA115	VL	11	5,355	3,810
BNOA128	VL	7	4,575	2,325
BNOA131	VL	9	4,890	2,700
BNOA132	VL	9	5,415	2,655
BNOA140	VL	13	5,745	3,360
BNOA143	VL	7	4,215	2,760
BNOA145	VL	7	4,800	2,325
BNOA149	VL	10	4,170	2,925
BNOA150	VL	9	5,250	2,880
BNOA153	VL	12	4,590	3,675
BNOA160	VL	9	5,291	2,805
BNOA168	VL	6	4,710	2,655
BNOA173	VL	7	5,370	3,120
BNOA180	VL	7	5,025	3,000
BNOA182	VL	9	5,115	2,895
BNOA183	VL	12	5,145	4,140
BNOA188	VL	9	5,040	2,565
BNOA193	VL	8	4,560	3,075
BNOA196	VL	10	4,560	2,880
BNOA198	VL	15	5,390	3,630
BNOA203	VL	11	5,055	3,090
BNOA204	VL	9	4,680	3,030
BNOA207	VL	7	4,890	2,715
BNOA267	VL	7	5,400	2,880
BNOA268	VL	8	4,425	2,325
BNOA269	VL	8	4,920	3,030
BNOA285	VL	10	6,075	4,005
BNOA286	VL	9	4,71	3,705
BNOA294	VL	9	5,970	3,180
BNOA295	VL	8	5,040	2,910

BNOA298	VL	9	4,620	2,535
BNOA300	VL	10	4,037	2,112
BNOA301	VL	9	5,295	3,570
BNOA302	VL	9	6,090	2,970
BNOA305	VL	9	4,800	2,805
BNOA311	VL	11	4,995	2,790
BNOA314	VL	11	4,620	2,985
BNOA318	VL	8	5,625	3,525
BNOA319	VL	8	3,915	2,505
BNOA320	VL	7	5,295	3,195
BNOA326	VL	8	4,440	3,570
BNOA337	VL	7	4,365	2,820
BNOA341	VL	9	4,425	2,625
BNOA362	VL	7	4,530	2,535
BNOA363	VL	9	4,155	2,685
BNOA375	VL	10	6,765	4,035
BNOA381	VL	8	5,430	3,180
BNOA389	VL	10	5,400	3,195
BNOA396	VL	8	3,660	2,280
BNOA397	VL	10	4,650	3,195
BNOA398	VL	9	5,340	3,180
BNOA402	VL	8	5,325	2,850
BNOA403	VL	8	4,185	2,115
BNOA404	VL	8	5,070	2,865
BNOA406	VL	10	4,995	2,625
BNOA413	VL	9	4,950	2,910
BNOA415	VL	9	4,950	2,730
BNOA439	VL	9	4,890	3,150
BNOA467	VL	11	4,860	3,075
BNOA511	VL	10	6,015	3,270
BNOA590	VL	9	4,050	2,355
BNOA591	VL	9	4,950	2,775
BNOA594	VL	11	3,806	3,855
BNOA595	VL	9	5,670	3,405
BNOA596	VL	11	5,160	3,420

BNOA597	VL	8	4,650	2,430
BNOA598	VL	7	3,675	2,205
Media.	VL	9,41	4,97	3,08
D.E.	VL	1,73	0,60	0,53
Min	VL	6	3,66	2,11
Max	VL	15	6,77	4,58
Media	General	8,88	4,44	2,75
D.E.	General	1,60	0,67	0,49
Min	General	5	2,92	1,61
Max	General	15	6,77	4,58

Tabla VI. Fragmentos amplificados (alelos), en pares de bases, para cada uno de los 9 *loci* SSR polimórficos (BM53, GATS91, BM172, Pvctt001, BMd20, BM210, BM151, BMd42 y Pvag001) en los 115 individuos de *P. vulgaris* evaluados. Se indica el grupo correspondiente para cada genotipo (Silv: Silvestre y VL: Variedad local). Resaltados en negrita, cursiva y subrayado se señalan los alelos únicos o privados y en color gris los individuos con alelos únicos. También se indica el genotipo multilocus (G. multilocus) correspondiente, considerando las combinaciones de alelos para los 9 *loci* polimórficos.

Entrada	Grupo	BM53	GATS91	BM172	Pvctt001	BMd20	BM210	BM151	BMd42	Pvag001	G. multilocus
BNOA077	Silv	287	222	84	138	120	156	145	155	206	1
BNOA080	Silv	287	215	84	138	120	168	145	155	191	2
BNOA082	Silv	287	227	84	138	120	156	145	155	191	3
BNOA086	Silv	287	227	87	138	120	168	145	155	191	4
BNOA087	Silv	275	215	87	138	120	168	145	155	191	5
BNOA088	Silv	287	215	84	138	120	168	145	155	191	2
BNOA089	Silv	310	222	87	138	120	168	145	155	191	6
BNOA211	Silv	287	215	96	138	120	156	145	155	191	7
BNOA212	Silv	287	215	96	138	120	156	145	155	191	7
BNOA214	Silv	267	218	96	138	120	168	145	155	206	8
BNOA215	Silv	267	218	96	138	120	168	145	155	206	8
BNOA219	Silv	267	203	87	138	120	168	145	155	191	9
BNOA225	Silv	275	222	84	138	120	168	148	155	191	10
BNOA227	Silv	275	218	87	138	120	168	148	160	206	11
BNOA228	Silv	287	227	84	138	120	156	148	155	191	12
BNOA230	Silv	310	218	84	138	120	168	148	155	206	13
BNOA232	Silv	287	222	84	138	120	168	145	155	191	14
BNOA234	Silv	310	222	84	138	120	168	145	155	191	15
BNOA235	Silv	275	215	96	138	120	168	145	155	191	16
BNOA237	Silv	275	215	96	138	120	168	148	155	191	17
BNOA279	Silv	275	215	84	138	120	168	158	155	191	18
BNOA280	Silv	275	218	84	138	120	168	148	155	191	19
BNOA282	Silv	275	218	84	138	120	168	145	155	191	20
BNOA452	Silv	310	218	84	138	120	156	148	155	191	21
BNOA468	Silv	318	218	140	138	120	168	145	155	191	22

BNOA470	Silv	275	222	84	138	120	168	145	155	191	23
BNOA471	Silv	287	222	84	138	120	156	145	155	191	24
BNOA473	Silv	275	215	84	138	120	156	148	155	206	25
BNOA475	Silv	287	218	84	138	120	156	145	155	191	26
BNOA476	Silv	275	215	87	138	120	156	145	160	191	27
BNOA481	Silv	310	215	87	138	120	156	145	155	206	28
BNOA483	Silv	310	227	87	138	120	156	145	155	191	29
BNOA485	Silv	287	218	87	138	120	168	145	155	191	30
BNOA487	Silv	267	218	87	138	120	176	145	155	191	31
BNOA489	Silv	287	203	87	138	120	168	145	155	191	32
BNOA494	Silv	287	218	87	138	120	156	145	155	191	33
BNOA503	Silv	287	215	87	138	120	156	148	155	191	34
BNOA504	Silv	287	215	87	138	120	168	145	155	206	35
BNOA508	Silv	275	215	87	138	120	168	145	155	191	5
BNOA509	Silv	275	215	87	138	120	168	145	155	206	36
BNOA510	Silv	267	218	87	138	120	168	145	155	191	37
BNOA512	Silv	287	215	87	138	120	168	145	160	191	38
BNOA514	Silv	267	215	87	138	120	168	145	155	191	39
BNOA519	Silv	318	222	84	138	120	168	145	155	191	40
BNOA524	Silv	310	222	87	138	120	168	148	162	191	41
BNOA525	Silv	267	222	87	138	120	168	148	155	191	42
BNOA529	Silv	287	222	87	138	120	168	148	155	206	43
BNOA557	Silv	244	222	84	138	120	168	148	155	191	44
BNOA558	Silv	287	227	140	138	120	168	148	155	191	45
BNOA561	Silv	318	222	87	138	120	168	148	160	191	46
BNOA563	Silv	310	218	87	138	120	156	148	160	206	47
BNOA564	Silv	310	218	96	138	120	156	148	155	191	48
BNOA566	Silv	318	218	96	138	120	168	145	155	191	49

BNOA569	Silv	287	218	89	138	120	168	145	155	191	50
BNOA570	Silv	287	215	84	138	120	168	148	155	191	51
BNOA572	Silv	310	222	114	138	120	168	148	155	206	52
BNOA574	Silv	310	222	96	138	120	168	148	155	206	53
BNOA575	Silv	287	222	96	138	120	168	145	155	206	54
BNOA577	Silv	287	222	87	138	120	156	145	155	206	55
BNOA578	Silv	287	222	87	138	120	156	145	160	206	56
BNOA580	Silv	287	227	87	138	120	168	145	160	206	57
BNOA582	Silv	287	222	87	138	120	168	145	160	206	58
BNOA583	Silv	287	218	89	138	120	152	145	155	206	59
BNOA584	Silv	275	222	96	138	120	168	145	155	191	60
BNOA588	Silv	275	218	87	138	120	168	145	155	206	61
BNOA592	Silv	287	222	140	138	120	168	145	155	191	62
BNOA593	Silv	275	203	87	138	120	168	145	160	191	63
BNOA708	Silv	267	227	87	138	120	168	148	160	191	64
BNOA002	VL	287	222	96	138	120	176	145	155	206	65
BNOA037	VL	275	203	87	138	120	168	148	155	206	66
BNOA039	VL	287	222	96	138	120	176	148	155	206	67
BNOA057	VL	287	227	96	138	120	176	148	160	191	68
BNOA060	VL	287	222	96	138	120	176	148	155	191	69
BNOA061	VL	287	227	114	138	120	176	148	160	206	70
BNOA062	VL	287	227	96	138	120	176	145	155	206	71
BNOA066	VL	310	222	89	138	120	168	148	155	206	72
BNOA101	VL	287	222	96	138	120	176	148	155	206	67
BNOA108	VL	275	222	114	138	120	176	148	160	191	73
BNOA111	VL	287	222	96	138	120	176	148	160	191	74
BNOA112	VL	287	222	96	138	120	176	145	160	191	75
BNOA115	VL	287	222	96	138	120	176	148	160	206	76



BNOA128	VL	287	227	96	138	120	176	148	160	206	77
BNOA131	VL	287	222	84	138	120	176	148	160	206	78
BNOA132	VL	287	222	96	138	120	176	148	160	206	76
BNOA140	VL	287	227	114	138	120	176	148	155	206	79
BNOA143	VL	287	227	96	138	120	176	148	162	191	80
BNOA145	VL	318	227	96	138	120	176	145	155	206	81
BNOA149	VL	318	227	96	138	120	176	145	160	206	82
BNOA153	VL	310	222	96	138	120	176	148	160	206	83
BNOA168	VL	310	222	96	138	120	176	148	155	206	84
BNOA173	VL	310	218	96	138	120	176	148	155	206	85
BNOA180	VL	310	227	114	138	120	176	148	160	206	86
BNOA183	VL	318	218	96	138	120	176	148	160	206	87
BNOA196	VL	287	222	96	138	120	168	145	160	206	88
BNOA198	VL	318	227	84	138	125	179	145	155	191	89
BNOA203	VL	310	218	96	138	120	176	148	155	206	85
BNOA267	VL	310	227	114	138	120	176	148	155	206	90
BNOA268	VL	310	218	96	138	120	176	148	155	206	85
BNOA269	VL	310	222	96	138	120	176	148	160	206	83
BNOA285	VL	310	218	96	138	120	179	145	160	191	91
BNOA286	VL	310	218	96	138	120	176	148	160	206	92
BNOA295	VL	318	218	114	138	120	176	148	155	206	93
BNOA300	VL	287	227	114	138	120	152	145	155	206	94
BNOA302	VL	318	215	96	138	120	176	148	155	206	95
BNOA318	VL	318	227	89	138	120	168	148	155	206	96
BNOA320	VL	287	227	96	138	120	176	148	151	206	97
BNOA337	VL	267	203	87	140	120	156	148	155	206	98
BNOA403	VL	310	218	87	138	120	168	148	162	206	99
BNOA467	VL	287	222	89	138	120	168	148	160	206	100

BNOA511	VL	275	222	89	138	120	168	145	155	206	101
BNOA590	VL	275	218	96	138	120	176	148	155	206	102
BNOA591	VL	287	218	96	138	120	176	148	160	206	103
BNOA594	VL	275	222	96	138	120	168	145	160	206	104
BNOA597	VL	287	203	96	138	120	176	148	160	206	105
BNOA598	VL	287	227	96	138	120	176	148	155	206	106

Tabla VII. Clasificación de las accesiones analizadas según el grupo al que pertenecen (Silv: Silvestre; VL: Variedad local), el grupo obtenido a partir del dendrograma realizado con los caracteres agromorfológicos, la provincia de origen, la ecorregión y categoría ELC correspondiente. En negrita se indican las accesiones que se analizaron molecularmente. Ecorregión: MSB (Monte de Sierras y Bolsones)

ID	Grupo	Grupo caracterización agromorfológica	Provincia	Ecorregión	Categoría ELC
BNOA069	Silv	GI	Jujuy	MSB	1
BNOA070	Silv	GI	Jujuy	Yungas	2
BNOA071	Silv	GI	Salta	Puna	1
BNOA072	Silv	GI	Salta	Puna	1
BNOA075	Silv	GI	Tucumán	Chaco Seco	6
BNOA077	Silv	GI	Tucumán	Chaco Seco	17
BNOA078	Silv	GI	Salta	Chaco Seco	14
BNOA079	Silv	GI	Salta	Chaco Seco	14
BNOA080	Silv	GI	Salta	Chaco Seco	14
BNOA081	Silv	GI	Salta	Chaco Seco	14
BNOA082	Silv	GI	Salta	Yungas	2
BNOA084	Silv	GI	Salta	Yungas	2
BNOA085	Silv	GI	Salta	Yungas	2
BNOA086	Silv	GI	Salta	Yungas	2
BNOA087	Silv	GI	Salta	Yungas	2
BNOA088	Silv	GI	Salta	Chaco Seco	17
BNOA089	Silv	GI	Salta	Yungas	17
BNOA090	Silv	GI	Jujuy	Yungas	2
BNOA091	Silv	GI	Jujuy	Yungas	2
BNOA092	Silv	GI	Salta	Yungas	14
BNOA209	Silv	GI	Jujuy	Puna	2
BNOA210	Silv	GI	Salta	Yungas	2
BNOA211	Silv	GI	Salta	Yungas	2
BNOA212	Silv	GI	Tucumán	Chaco Seco	6

BNOA213	Silv	GI	Tucumán	Yungas	2
BNOA214	Silv	GI	Tucumán	Yungas	2
BNOA215	Silv	GI	Tucumán	Yungas	2
BNOA219	Silv	GI	Salta	Yungas	2
BNOA220	Silv	GI	Salta	Yungas	2
BNOA222	Silv	GI	Salta	Yungas	2
BNOA223	Silv	GI	Salta	Yungas	2
BNOA224	Silv	GI	Salta	Yungas	2
BNOA225	Silv	GI	Salta	Yungas	2
BNOA226	Silv	GI	Salta	Yungas	2
BNOA227	Silv	GI	Salta	Yungas	2
BNOA228	Silv	GI	Salta	Yungas	2
BNOA229	Silv	GI	Salta	Yungas	2
BNOA230	Silv	GI	Salta	Yungas	2
BNOA231	Silv	GI	Salta	Yungas	2
BNOA232	Silv	GI	Salta	Yungas	2
BNOA233	Silv	GI	Salta	Yungas	2
BNOA234	Silv	GI	Salta	Yungas	2
BNOA235	Silv	GI	Salta	Yungas	2
BNOA236	Silv	GI	Salta	Yungas	2
BNOA237	Silv	GI	Salta	Yungas	2
BNOA239	Silv	GI	Salta	Yungas	2
BNOA240	Silv	GI	Salta	Yungas	2
BNOA241	Silv	GI	Salta	Yungas	2
BNOA270	Silv	GI	Jujuy	MSB	1
BNOA271	Silv	GI	Salta	Puna	1
BNOA272	Silv	GI	Jujuy	MSB	1

BNOA274	Silv	GI	Salta	Chaco Seco	17
BNOA275	Silv	GI	Salta	Chaco Seco	17
BNOA277	Silv	GI	Salta	Chaco Seco	17
BNOA278	Silv	GI	Salta	Chaco Seco	17
BNOA279	Silv	GI	Salta	Chaco Seco	17
BNOA280	Silv	GI	Salta	Chaco Seco	17
BNOA281	Silv	GI	Salta	Yungas	2
BNOA282	Silv	GI	Jujuy	Yungas	2
BNOA451	Silv	GI	Salta	Yungas	14
BNOA452	Silv	GI	Salta	Yungas	2
BNOA468	Silv	GI	Tucumán	Yungas	2
BNOA469	Silv	GI	Tucumán	Yungas	14
BNOA470	Silv	GI	Tucumán	Yungas	14
BNOA471	Silv	GI	Salta	Yungas	17
BNOA472	Silv	GI	Salta	Yungas	17
BNOA473	Silv	GI	Salta	Yungas	17
BNOA474	Silv	GI	Salta	Yungas	17
BNOA475	Silv	GI	Salta	Yungas	17
BNOA476	Silv	GI	Salta	Yungas	2
BNOA477	Silv	GI	Salta	Yungas	2
BNOA481	Silv	GI	Córdoba	Chaco Seco	10
BNOA482	Silv	GI	Salta	Yungas	2
BNOA483	Silv	GI	Salta	Yungas	2
BNOA484	Silv	GI	Salta	Yungas	2
BNOA485	Silv	GI	Salta	Yungas	2
BNOA486	Silv	GI	Salta	Yungas	2
BNOA487	Silv	GI	Salta	Yungas	2

BNOA488	Silv	GI	Salta	Yungas	2
BNOA489	Silv	GI	Salta	Yungas	2
BNOA490	Silv	GI	Salta	Yungas	2
BNOA492	Silv	GI	Jujuy	Puna	1
BNOA493	Silv	GI	Jujuy	Puna	1
BNOA494	Silv	GI	Jujuy	Puna	2
BNOA495	Silv	GI	Jujuy	Puna	2
BNOA496	Silv	GI	Jujuy	Puna	2
BNOA497	Silv	GI	Jujuy	Puna	2
BNOA498	Silv	GI	Jujuy	Puna	2
BNOA499	Silv	GI	Jujuy	Puna	2
BNOA500	Silv	GI	Jujuy	Puna	2
BNOA502	Silv	GI	Salta	Yungas	2
BNOA503	Silv	GI	Salta	Yungas	2
BNOA504	Silv	GI	Salta	Yungas	2
BNOA506	Silv	GI	Salta	Yungas	2
BNOA508	Silv	GI	Salta	Chaco Seco	2
BNOA509	Silv	GI	Salta	Chaco Seco	2
BNOA510	Silv	GI	Salta	Chaco Seco	17
BNOA512	Silv	GI	Jujuy	Yungas	2
BNOA514	Silv	GI	Jujuy	Yungas	2
BNOA519	Silv	GI	Salta	Yungas	2
BNOA520	Silv	GI	Salta	Chaco Seco	14
BNOA521	Silv	GI	Salta	Yungas	17
BNOA522	Silv	GI	Salta	Yungas	17
BNOA523	Silv	GI	Salta	Yungas	17
BNOA524	Silv	GI	Salta	Yungas	17

BNOA525	Silv	GI	Salta	Yungas	14
BNOA528	Silv	GI	Salta	Yungas	14
BNOA529	Silv	GI	Salta	Yungas	14
BNOA556	Silv	GI	Tucumán	Yungas	2
BNOA557	Silv	GI	Tucumán	Yungas	2
BNOA558	Silv	GI	Tucumán	Yungas	2
BNOA559	Silv	GI	Tucumán	Yungas	2
BNOA560	Silv	GI	Tucumán	Yungas	2
BNOA561	Silv	GI	Tucumán	Yungas	2
BNOA562	Silv	GI	Catamarca	Yungas	2
BNOA563	Silv	GI	Catamarca	Yungas	2
BNOA564	Silv	GI	Catamarca	Yungas	2
BNOA565	Silv	GI	Catamarca	Chaco Seco	16
BNOA566	Silv	GI	Catamarca	Yungas	14
BNOA567	Silv	GI	Catamarca	Yungas	14
BNOA568	Silv	GI	Tucumán	Yungas	14
BNOA569	Silv	GI	Salta	Yungas	14
BNOA570	Silv	GI	Salta	Yungas	17
BNOA571	Silv	GI	Salta	Chaco Seco	17
BNOA572	Silv	GI	Salta	Chaco Seco	14
BNOA573	Silv	GI	Salta	Chaco Seco	14
BNOA574	Silv	GI	Salta	Chaco Seco	14
BNOA575	Silv	GI	Salta	Chaco Seco	14
BNOA576	Silv	GI	Salta	Yungas	14
BNOA577	Silv	GI	Salta	Yungas	14
BNOA578	Silv	GI	Salta	Yungas	14
BNOA579	Silv	GI	Salta	Yungas	14

BNOA580	Silv	GI	Salta	Chaco Seco	17
BNOA581	Silv	GI	Salta	Chaco Seco	17
BNOA582	Silv	GI	Salta	Chaco Seco	17
BNOA583	Silv	GI	Salta	Chaco Seco	17
BNOA584	Silv	GI	Tucumán	Yungas	2
BNOA588	Silv	GI	Tucumán	Yungas	2
BNOA592	Silv	GI	Salta	Chaco Seco	14
BNOA593	Silv	GI	Salta	Yungas	17
BNOA708	Silv	GI	Salta	Yungas	14
BNOA718	Silv	GI	Salta	Yungas	14
BNOA037	VL	GI	Salta	Yungas	14
BNOA403	VL	GI	Salta	Yungas	14
BNOA002	VL	GII	Salta	Altos Andes	1
BNOA018	VL	GII	Jujuy	MSB	1
BNOA019	VL	GII	Jujuy	MSB	1
BNOA026	VL	GII	Jujuy	MSB	1
BNOA036	VL	GII	Salta	Yungas	14
BNOA038	VL	GII	Salta	Yungas	14
BNOA039	VL	GII	Salta	Yungas	14
BNOA044	VL	GII	Jujuy	MSB	1
BNOA054	VL	GII	Salta	Puna	1
BNOA057	VL	GII	Salta	Puna	1
BNOA060	VL	GII	Jujuy	MSB	1
BNOA061	VL	GII	Jujuy	MSB	1
BNOA062	VL	GII	Jujuy	MSB	1
BNOA065	VL	GII	Salta	Yungas	2
BNOA098	VL	GII	Salta	Yungas	14

BNOA111	VL	GII	Salta	Altos Andes	1
BNOA112	VL	GII	Salta	Altos Andes	1
BNOA115	VL	GII	Salta	Puna	1
BNOA128	VL	GII	Salta	Altos Andes	1
BNOA131	VL	GII	Salta	Puna	1
BNOA132	VL	GII	Salta	Puna	1
BNOA145	VL	GII	Salta	Puna	1
BNOA153	VL	GII	Salta	Altos Andes	1
BNOA168	VL	GII	Salta	Puna	1
BNOA173	VL	GII	Salta	Puna	1
BNOA180	VL	GII	Salta	Altos Andes	1
BNOA183	VL	GII	Salta	Puna	1
BNOA267	VL	GII	Jujuy	MSB	1
BNOA268	VL	GII	Jujuy	MSB	1
BNOA269	VL	GII	Jujuy	MSB	1
BNOA285	VL	GII	Salta	Yungas	14
BNOA286	VL	GII	Salta	Yungas	14
BNOA294	VL	GII	Salta	Yungas	14
BNOA295	VL	GII	Salta	Yungas	14
BNOA301	VL	GII	Salta	Yungas	14
BNOA305	VL	GII	Salta	Yungas	14
BNOA311	VL	GII	Salta	Yungas	14
BNOA314	VL	GII	Salta	Yungas	14
BNOA318	VL	GII	Salta	Yungas	14
BNOA319	VL	GII	Salta	Yungas	14
BNOA320	VL	GII	Salta	Yungas	14
BNOA326	VL	GII	Salta	Yungas	14

BNOA337	VL	GII	Salta	Yungas	14
BNOA341	VL	GII	Salta	Yungas	14
BNOA362	VL	GII	Salta	Yungas	17
BNOA363	VL	GII	Salta	Yungas	17
BNOA375	VL	GII	Salta	Yungas	17
BNOA381	VL	GII	Salta	Yungas	17
BNOA396	VL	GII	Salta	Yungas	17
BNOA397	VL	GII	Salta	Yungas	17
BNOA398	VL	GII	Salta	Yungas	14
BNOA402	VL	GII	Salta	Yungas	14
BNOA404	VL	GII	Salta	Yungas	14
BNOA406	VL	GII	Salta	Yungas	14
BNOA413	VL	GII	Salta	Yungas	17
BNOA415	VL	GII	Salta	Yungas	17
BNOA439	VL	GII	Salta	Yungas	17
BNOA467	VL	GII	Tucumán	MSB	1
BNOA511	VL	GII	Catamarca	MSB	9
BNOA590	VL	GII	Salta	Altos Andes	1
BNOA591	VL	GII	Jujuy	Puna	1
BNOA594	VL	GII	Salta	Puna	1
BNOA595	VL	GII	Salta	Puna	1
BNOA596	VL	GII	Salta	Puna	1
BNOA597	VL	GII	Salta	Puna	1
BNOA598	VL	GII	Salta	Yungas	17
BNOA046	VL	GIII	Jujuy	MSB	1
BNOA066	VL	GIII	Catamarca	MSB	1
BNOA050	VL	GIV	Jujuy	Puna	1

BNOA052	VL	GIV	Salta	Puna	1
BNOA056	VL	GIV	Salta	Puna	1
BNOA068	VL	GIV	Catamarca	MSB	1
BNOA101	VL	GIV	Salta	Altos Andes	1
BNOA108	VL	GIV	Salta	Altos Andes	1
BNOA143	VL	GIV	Salta	Puna	1
BNOA149	VL	GIV	Salta	Altos Andes	1
BNOA150	VL	GIV	Salta	Altos Andes	1
BNOA160	VL	GIV	Salta	Altos Andes	1
BNOA188	VL	GIV	Salta	Altos Andes	1
BNOA193	VL	GIV	Salta	Puna	1
BNOA196	VL	GIV	Salta	Puna	1
BNOA203	VL	GIV	Salta	Altos Andes	1
BNOA204	VL	GIV	Salta	Altos Andes	1
BNOA207	VL	GIV	Salta	Altos Andes	1
BNOA298	VL	GIV	Salta	Yungas	14
BNOA300	VL	GIV	Salta	Yungas	14
BNOA302	VL	GIV	Salta	Yungas	14
BNOA389	VL	GIV	Salta	Yungas	17
BNOA140	VL	GV	Salta	Puna	1
BNOA182	VL	GVI	Salta	Puna	1
BNOA093	VL	GVII	Salta	Yungas	17
BNOA198	VL	GVII	Salta	Puna	1

Tabla VIII. Categorías ecogeográficas (ELC), frecuencias y valores medios obtenidos para el componente bioclimático.

Categoría ELC	Frecuencia de la categoría ELC (%)	Componente bioclimática				
		Precipitación anual (mm)	Precipitación trimestre más frío (mm)	Precipitación trimestre más seco (mm)	Temperatura media mes de octubre (°C)	Temperatura media trimestre más frío (°C)
1	6,08	202	39	15	8,8	2,9
2	5,11	273	66	22	6,9	1,8
3	0,34	64	3	2	8,2	3,0
4	0,12	461	191	57	6,9	1,0
5	0,41	404	53	53	15,8	8,9
6	0,63	521	59	59	14,9	8,3
7	0,11	367	59	59	14,6	8,0
8	0,08	417	67	67	14,7	8,1
9	24,39	280	59	35	12,7	5,6
10	5,69	337	59	43	10,8	4,2
11	3,49	246	50	46	14,0	6,8
12	6,02	208	64	32	9,9	3,2
13	0,29	926	255	133	9,6	3,8
14	0,64	807	139	46	15,9	9,4
15	0,01	1094	488	125	6,4	1,9
16	11,33	820	79	77	19,6	13,0
17	25,09	910	104	99	19,2	13,0
18	0,20	448	17	17	22,3	13,9
19	4,61	941	120	119	17,0	11,3
20	0,93	721	151	75	14,4	7,6
21	0,75	881	268	85	12,0	5,9
22	0,03	1151	507	134	7,5	2,9

Tabla IX. Categorías ecogeográficas (ELC), frecuencias y valores medios obtenidos para el componente geofísico.

Categoría ELC	Componente geofísico			
	Altitud (m)	Pendiente del terreno (°)	Longitud	Latitud
1	3077	3,1	-67,7	-28,6
2	2985	3,7	-68,2	-30,0
3	3821	1,9	-67,3	-24,9
4	1301	3,6	-70,8	-42,0
5	296	0,1	-63,7	-36,4
6	249	0,2	-63,3	-37,1
7	27	0,0	-62,9	-39,9
8	16	0,0	-61,7	-39,0
9	570	0,5	-68,0	-40,4
10	573	0,6	-68,1	-43,0
11	314	0,3	-66,1	-40,0
12	516	0,7	-69,0	-44,9
13	1066	3,9	-70,1	-40,1
14	1168	3,4	-66,7	-29,3
15	1095	3,5	-71,5	-40,9
16	155	0,1	-62,0	-30,4
17	174	0,1	-61,1	-30,3
18	194	0,1	-65,3	-30,1
19	73	0,0	-59,9	-33,1
20	661	0,9	-67,8	-36,6
21	796	0,9	-68,1	-37,1
22	888	1,3	-71,5	-40,9

Tabla X. Categorías ecogeográficas (ELC), frecuencias y valores medios obtenidos para el componente edáfico.

Categoría ELC	Componente edáfico						
	Contenido de arcilla en suelo superficial (%)	Contenido de arena en suelo superficial (%)	Contenido de limo en suelo superficial (%)	Capacidad de intercambio catiónico en suelo (cmol/kg)	pH en suelo superficial	Salinidad en suelo superficial (dS/m)	Salinidad en subsuelo (dS/m)
1	5,4	79,4	15,1	8,4	7,3	0,1	0,2
2	20,0	45,4	34,6	19,3	6,4	0,0	0,0
3	32,0	40,0	28,0	17,0	6,5	2,5	8,6
4	33,5	42,6	23,9	32,4	8,8	0,6	0,9
5	10,8	77,1	12,1	8,9	7,9	0,2	0,2
6	34,4	28,4	37,2	29,7	6,1	0,0	0,1
7	12,0	60,0	28,0	16,0	7,8	3,9	7,2
8	35,7	31,0	33,3	38,5	9,4	0,2	0,2
9	11,2	75,5	13,3	15,3	7,6	0,2	0,3
10	22,9	37,2	39,9	27,4	6,3	0,1	0,1
11	12,0	60,0	28,0	16,0	7,8	3,9	7,2
12	35,8	43,2	21,1	30,7	8,5	0,9	1,6
13	7,9	71,2	20,9	15,9	6,8	0,1	0,1
14	16,4	42,3	41,3	23,1	6,0	0,0	0,3
15	29,0	36,0	35,0	40,0	9,7	0,1	0,2
16	7,9	70,3	21,8	8,5	6,9	0,1	0,1
17	28,2	23,4	47,7	23,2	6,2	0,2	0,5
18	32,0	40,0	28,0	17,0	6,5	2,5	8,6
19	34,5	18,1	47,5	24,4	8,6	1,5	1,9
20	7,2	76,8	16,0	12,1	7,5	0,1	0,1
21	15,2	45,1	39,7	26,4	6,2	0,1	0,1
22	28,6	38,4	33,0	38,1	9,5	0,2	0,4

Tabla XI. Correlaciones parciales y valores de probabilidad obtenidos para las variables altitud, Temperatura (T^a) del trimestre más frío y peso de 100 semillas.

	Altitud	P100S (g)	T ^a trimestre más frío
Altitud	1	<0.0001	<0.0001
P100S (g)	0.5	1	<0.0001
T ^a trimestre más frío	-0.51	-0.55	1

Tabla XII. Poblaciones comparadas, valor del estadístico ϕ obtenido y número de migrantes estimado.

Población 1	Población 2	ϕ_{st}	Nm	P
Ca	Cb	0,317	0,538	0,000
Ca	la	0,278	0,649	0,000
Cb	la	0,261	0,707	0,000
Ca	lb	0,376	0,415	0,000
Cb	lb	0,290	0,612	0,000
la	lb	0,220	0,885	0,000
Ca	Cv	0,259	0,714	0,000
Cb	Cv	0,351	0,462	0,000
la	Cv	0,294	0,599	0,000
lb	Cv	0,416	0,351	0,000



Figura 1. Ambiente donde crece la forma silvestre de *P. vulgaris* en Argentina.

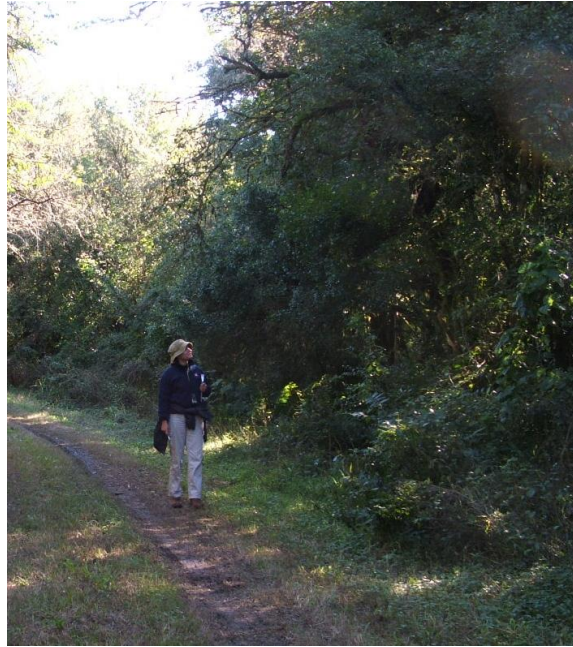


Figura II. Prospección de poblaciones silvestres de judía.



Figura III. Colecta de vainas de poblaciones silvestres de judías en Parque Nacional El Rey, provincia de Salta, Argentina.



Figura IV. Cultivo de las variedades locales de judía en Argentina.



Figura V. Variedades locales producidas en finca de agricultores.



Figura VI. Mezcla de semillas de variedades locales conservadas y producidas por agricultores locales de Santa Victoria Oeste, Salta, Argentina.

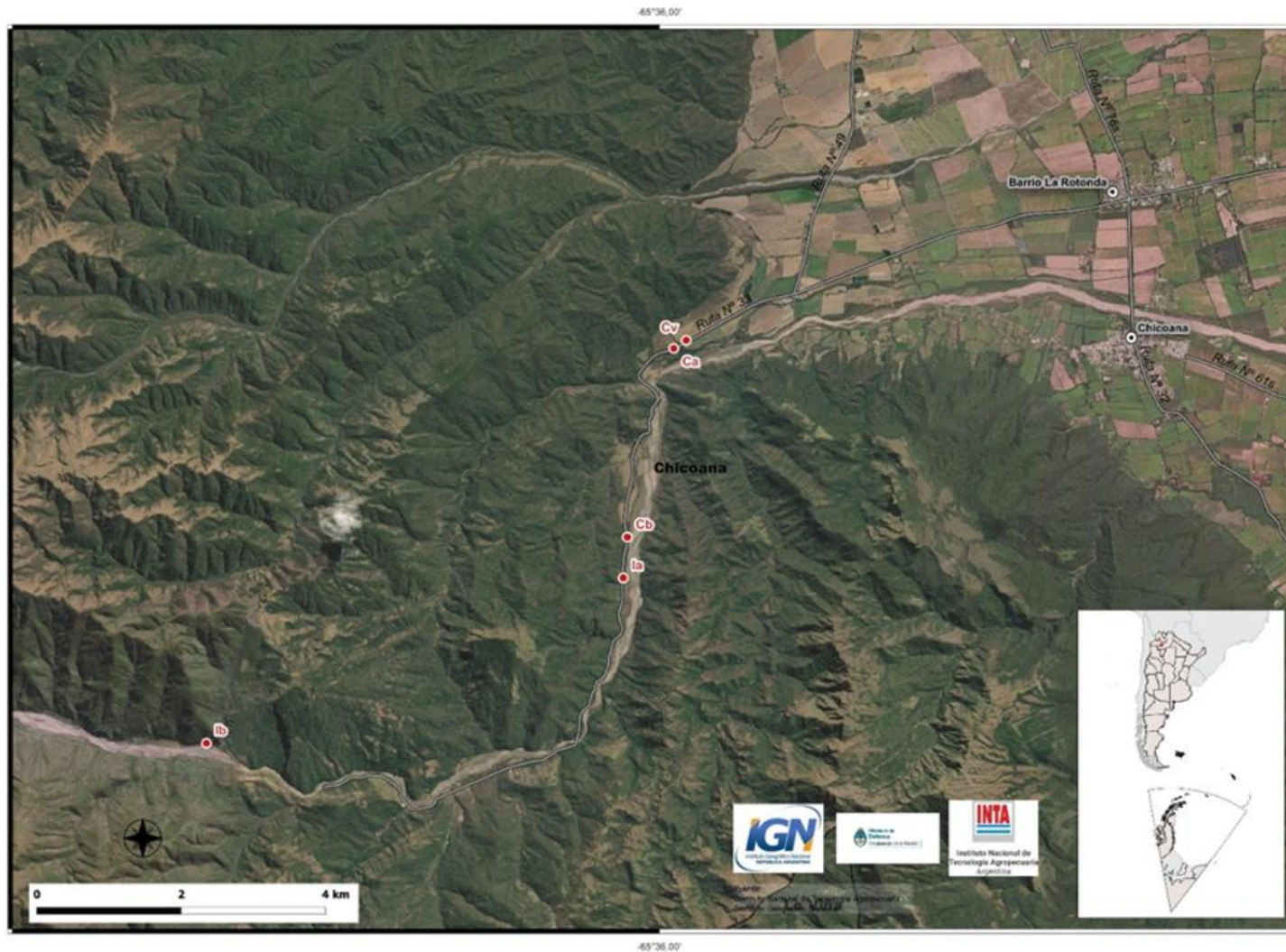


Figura VII. Localización geográfica de las poblaciones silvestres y las variedades comerciales (Cv) evaluadas para el estudio de posible flujo génico (Fuente: Instituto Geográfico Nacional de la República Argentina, con licencia CC BY-SA 4.0, descargado el 02 de octubre de 2024, <https://www.ign.gov.ar/AreaServicios/Descargas/MapasEscolares>)

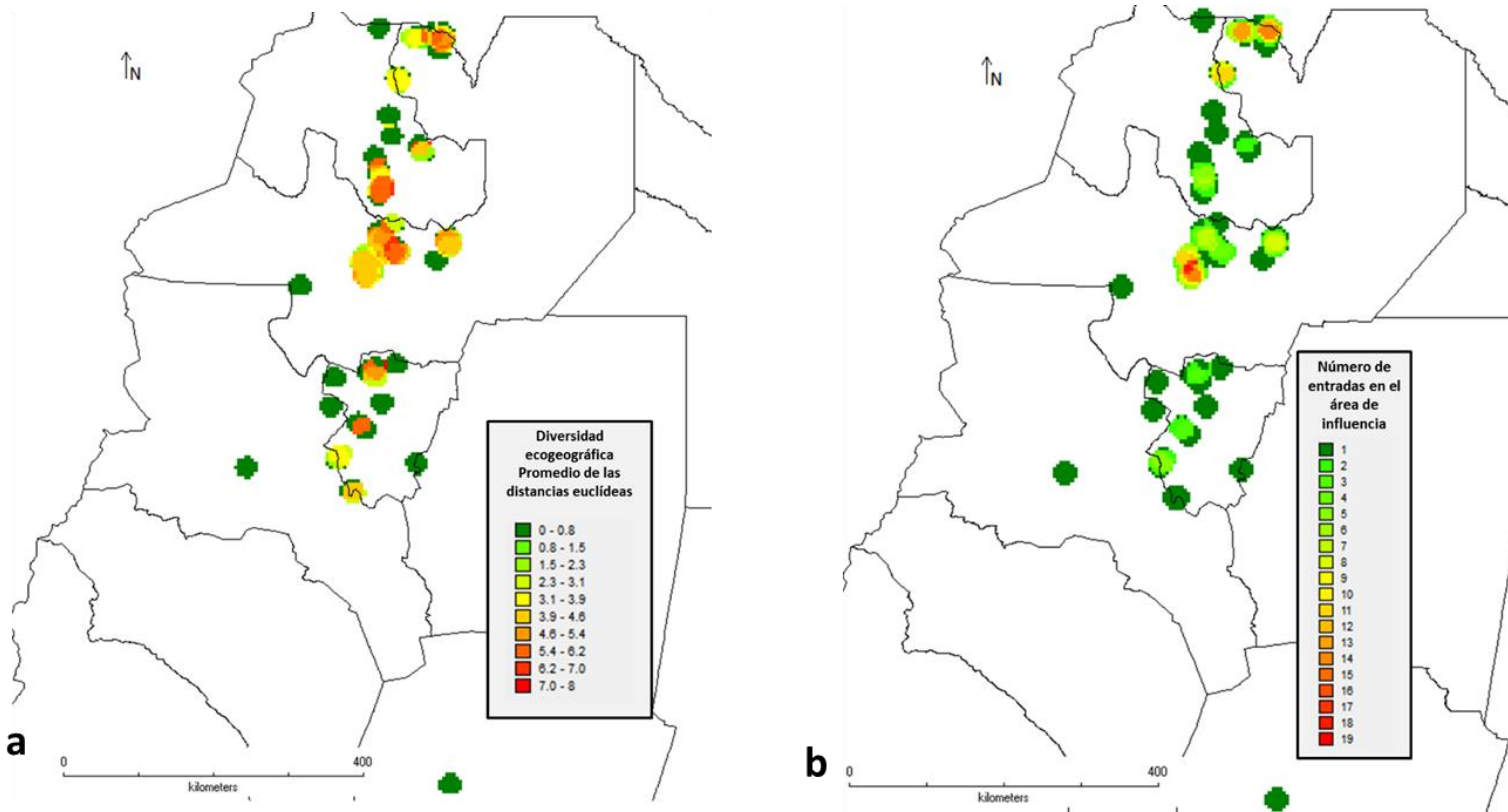


Figura VIII. a) Mapa de la diversidad ecogeográfica existente en las distintas zonas de Argentina donde se realizó la colecta del germoplasma de judía evaluado. El gradiente de colores indica los valores promedio de las distancias euclídeas calculadas para cada área de influencia de cada celda. b) Mapa de la densidad de accesiones en el área de influencia en las distintas zonas donde se realizaron colectas de germoplasma en Argentina

PERMISOS DE REPRODUCCION

Tabla 1.3. Ejemplos de superioridad en caracteres presentes en la forma silvestre de la judía común en comparación con *P. vulgaris* domesticado (Acosta-Gallegos et al., 2007; Copyright 2007, John Wiley and Sons).

JOHN WILEY AND SONS LICENSE
TERMS AND CONDITIONS

Jul 28, 2025

This Agreement between Mariana J Ferreyra ("You") and John Wiley and Sons ("John Wiley and Sons") consists of your license details and the terms and conditions provided by John Wiley and Sons and Copyright Clearance Center.

License Number	6077831019222
License date	Jul 28, 2025
Licensed Content Publisher	John Wiley and Sons
Licensed Content Publication	CROP SCIENCE
Licensed Content Title	Prebreeding in Common Bean and Use of Genetic Diversity from Wild Germplasm
Licensed Content Author	Paul Gepts, James D. Kelly, Jorge A. Acosta-Gallegos
Licensed Content Date	Dec 1, 2007
Licensed Content Volume	47

Licensed Content Issue S3

Licensed Content Pages 16

Type of use Dissertation/Thesis

Requestor type University/Academic

Format Electronic

Portion Figure/table

Number of figures/tables 1

Will you be translating? Yes, without English rights

Number of languages 1

Title of new work **CARACTERIZACIÓN AGROMORFOLÓGICA, GENOTÍPICA Y ECOGEOGRÁFICA DE POBLACIONES SILVESTRES Y VARIEDADES LOCALES DE PHASEOLUS VULGARIS L. DEL NOROESTE DE ARGENTINA**

Institution name **UNIVERSIDAD DE SANTIAGO DE COMPOSTELA**

Expected presentation date Oct 2025

Portions Table 2. Some cases of superiority in traits in the wild form of common bean compared to the domesticated *P. vulgaris*.

The Requesting Person
/ Organization to
Appear on the License Mariana J Ferreyra

Specific Languages Castellano

Mariana Ferreyra
Manzana 5 Casa 2

Requestor Location

San Lorenzo, Salta 4401
Argentina

Order reference number 1

Publisher Tax ID EU826007151

Total 0.00 USD

Terms and Conditions

TERMS AND CONDITIONS

This copyrighted material is owned by or exclusively licensed to John Wiley & Sons, Inc. or one of its group companies (each a "Wiley Company") or handled on behalf of a society with which a Wiley Company has exclusive publishing rights in relation to a particular work (collectively "WILEY"). By clicking "accept" in connection with completing this licensing transaction, you agree that the following terms and conditions apply to this transaction (along with the billing and payment terms and conditions established by the Copyright Clearance Center Inc., ("CCC's Billing and Payment terms and conditions"), at the time that you opened your RightsLink account (these are available at any time at <http://myaccount.copyright.com>).

Terms and Conditions

The materials you have requested permission to reproduce or reuse (the "Wiley Materials") are protected by copyright.

You are hereby granted a personal, non-exclusive, non-sub licensable (on a stand-alone basis), non-transferable, worldwide, limited license to reproduce the Wiley Materials for the purpose specified in the licensing process. This license, **and any CONTENT (PDF or image file) purchased as part of your order**, is for a one-time use only and limited to any maximum distribution number specified in the license. The first instance of republication or reuse granted by this license must be completed within two years of the date of the grant of this license (although copies prepared before the end date may be distributed thereafter). The Wiley Materials shall not be used in any other manner or for any other purpose, beyond what is granted in the license. Permission is granted subject to an appropriate acknowledgement given to the author, title of the material/book/journal and the publisher. You shall also duplicate the copyright notice that appears in the Wiley publication in your use of the Wiley Material. Permission is also granted on the understanding that nowhere in the text is a previously published source acknowledged for all or part of this Wiley Material. Any third party content is expressly excluded from this permission.

With respect to the Wiley Materials, all rights are reserved. Except as expressly granted by the terms of the license, no part of the Wiley Materials may be copied, modified, adapted (except for minor reformatting required by the new Publication), translated, reproduced, transferred or distributed, in any form or by any means, and no derivative works may be made based on the Wiley Materials without the prior permission of the respective copyright owner.

For STM Signatory Publishers clearing permission under the terms of the [STM Permissions Guidelines](#) only, the terms of the license are extended to include subsequent editions and for editions in other languages, provided such editions are for the work as a whole in

situ and does not involve the separate exploitation of the permitted figures or extracts, You may not alter, remove or suppress in any manner any copyright, trademark or other notices displayed by the Wiley Materials. You may not license, rent, sell, loan, lease, pledge, offer as security, transfer or assign the Wiley Materials on a stand-alone basis, or any of the rights granted to you hereunder to any other person.

- ♦ The Wiley Materials and all of the intellectual property rights therein shall at all times remain the exclusive property of John Wiley & Sons Inc, the Wiley Companies, or their respective licensors, and your interest therein is only that of having possession of and the right to reproduce the Wiley Materials pursuant to Section 2 herein during the continuance of this Agreement. You agree that you own no right, title or interest in or to the Wiley Materials or any of the intellectual property rights therein. You shall have no rights hereunder other than the license as provided for above in Section 2. No right, license or interest to any trademark, trade name, service mark or other branding ("Marks") of WILEY or its licensors is granted hereunder, and you agree that you shall not assert any such right, license or interest with respect thereto
- ♦ NEITHER WILEY NOR ITS LICENSORS MAKES ANY WARRANTY OR REPRESENTATION OF ANY KIND TO YOU OR ANY THIRD PARTY, EXPRESS, IMPLIED OR STATUTORY, WITH RESPECT TO THE MATERIALS OR THE ACCURACY OF ANY INFORMATION CONTAINED IN THE MATERIALS, INCLUDING, WITHOUT LIMITATION, ANY IMPLIED WARRANTY OF MERCHANTABILITY, ACCURACY, SATISFACTORY QUALITY, FITNESS FOR A PARTICULAR PURPOSE, USABILITY, INTEGRATION OR NON-INFRINGEMENT AND ALL SUCH WARRANTIES ARE HEREBY EXCLUDED BY WILEY AND ITS LICENSORS AND WAIVED BY YOU.
- ♦ WILEY shall have the right to terminate this Agreement immediately upon breach of this Agreement by you.
- ♦ You shall indemnify, defend and hold harmless WILEY, its Licensors and their respective directors, officers, agents and employees, from and against any actual or threatened claims, demands, causes of action or proceedings arising from any breach of this Agreement by you.
- ♦ IN NO EVENT SHALL WILEY OR ITS LICENSORS BE LIABLE TO YOU OR ANY OTHER PARTY OR ANY OTHER PERSON OR ENTITY FOR ANY SPECIAL, CONSEQUENTIAL, INCIDENTAL, INDIRECT, EXEMPLARY OR PUNITIVE DAMAGES, HOWEVER CAUSED, ARISING OUT OF OR IN CONNECTION WITH THE DOWNLOADING, PROVISIONING, VIEWING OR USE OF THE MATERIALS REGARDLESS OF THE FORM OF ACTION, WHETHER FOR BREACH OF CONTRACT, BREACH OF WARRANTY, TORT, NEGLIGENCE, INFRINGEMENT OR OTHERWISE (INCLUDING, WITHOUT LIMITATION, DAMAGES BASED ON LOSS OF PROFITS, DATA, FILES, USE,

BUSINESS OPPORTUNITY OR CLAIMS OF THIRD PARTIES), AND WHETHER OR NOT THE PARTY HAS BEEN ADVISED OF THE POSSIBILITY OF SUCH DAMAGES. THIS LIMITATION SHALL APPLY NOTWITHSTANDING ANY FAILURE OF ESSENTIAL PURPOSE OF ANY LIMITED REMEDY PROVIDED HEREIN.

- Should any provision of this Agreement be held by a court of competent jurisdiction to be illegal, invalid, or unenforceable, that provision shall be deemed amended to achieve as nearly as possible the same economic effect as the original provision, and the legality, validity and enforceability of the remaining provisions of this Agreement shall not be affected or impaired thereby.
- The failure of either party to enforce any term or condition of this Agreement shall not constitute a waiver of either party's right to enforce each and every term and condition of this Agreement. No breach under this agreement shall be deemed waived or excused by either party unless such waiver or consent is in writing signed by the party granting such waiver or consent. The waiver by or consent of a party to a breach of any provision of this Agreement shall not operate or be construed as a waiver of or consent to any other or subsequent breach by such other party.
- This Agreement may not be assigned (including by operation of law or otherwise) by you without WILEY's prior written consent.
- Any fee required for this permission shall be non-refundable after thirty (30) days from receipt by the CCC.
- These terms and conditions together with CCC's Billing and Payment terms and conditions (which are incorporated herein) form the entire agreement between you and WILEY concerning this licensing transaction and (in the absence of fraud) supersedes all prior agreements and representations of the parties, oral or written. This Agreement may not be amended except in writing signed by both parties. This Agreement shall be binding upon and inure to the benefit of the parties' successors, legal representatives, and authorized assigns.
- In the event of any conflict between your obligations established by these terms and conditions and those established by CCC's Billing and Payment terms and conditions, these terms and conditions shall prevail.
- WILEY expressly reserves all rights not specifically granted in the combination of (i) the license details provided by you and accepted in the course of this licensing transaction, (ii) these terms and conditions and (iii) CCC's Billing and Payment terms and conditions.
- This Agreement will be void if the Type of Use, Format, Circulation, or Requestor Type was misrepresented during the licensing process.

- This Agreement shall be governed by and construed in accordance with the laws of the State of New York, USA, without regards to such state's conflict of law rules. Any legal action, suit or proceeding arising out of or relating to these Terms and Conditions or the breach thereof shall be instituted in a court of competent jurisdiction in New York County in the State of New York in the United States of America and each party hereby consents and submits to the personal jurisdiction of such court, waives any objection to venue in such court and consents to service of process by registered or certified mail, return receipt requested, at the last known address of such party.

WILEY OPEN ACCESS TERMS AND CONDITIONS

Wiley Publishes Open Access Articles in fully Open Access Journals and in Subscription journals offering Online Open. Although most of the fully Open Access journals publish open access articles under the terms of the Creative Commons Attribution (CC BY) License only, the subscription journals and a few of the Open Access Journals offer a choice of Creative Commons Licenses. The license type is clearly identified on the article.

The Creative Commons Attribution License

The [Creative Commons Attribution License \(CC-BY\)](#) allows users to copy, distribute and transmit an article, adapt the article and make commercial use of the article. The CC-BY license permits commercial and non-

Creative Commons Attribution Non-Commercial License

The [Creative Commons Attribution Non-Commercial \(CC-BY-NC\) License](#) permits use, distribution and reproduction in any medium, provided the original work is properly cited and is not used for commercial purposes.(see below)

Creative Commons Attribution-Non-Commercial-NoDerivs License

The [Creative Commons Attribution Non-Commercial-NoDerivs License \(CC-BY-NC-ND\)](#) permits use, distribution and reproduction in any medium, provided the original work is properly cited, is not used for commercial purposes and no modifications or adaptations are made. (see below)

Use by commercial "for-profit" organizations

Use of Wiley Open Access articles for commercial, promotional, or marketing purposes requires further explicit permission from Wiley and will be subject to a fee.

Further details can be found on Wiley Online Library
<http://olabout.wiley.com/WileyCDA/Section/id-410895.html>

Other Terms and Conditions:


v1.10 Last updated September 2015

Questions? customercare@copyright.com.

Figura 1.1. Acervos génicos de *P. vulgaris* (Adaptado de De Ron *et al.*, 2015, Mapa del continente americano Fuente: Instituto Geográfico Nacional de la República Argentina con licencia CC BY-SA 4.0 <https://www.ign.gob.ar/AreaServicios/Descargas/MapasEscolares>).

Figura VII. Localización geográfica de las poblaciones silvestres y las variedades comerciales (Cv) evaluadas para el estudio de posible flujo génico (Fuente: Instituto Geográfico Nacional de la República Argentina, con licencia CC BY-SA 4.0, <https://www.ign.gob.ar/AreaServicios/Descargas/MapasEscolares>).

15/9/25, 13:52 Mapas Escolares | Instituto Geográfico Nacional

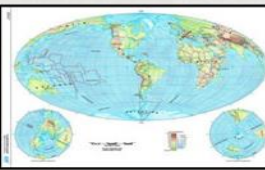

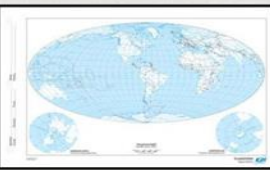
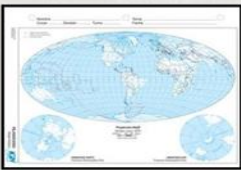
Ministerio de Defensa

Nuestros ProductosInstitutoActividadesServicios






MAPAS ESCOLARES

Mapas escolares mudos, físicos, políticos y con imágenes satelitales para descargar e imprimir en tamaño A4 (210 x 297 mm).







Planisferios







Mapas Continentales



Mapas de la República Argentina

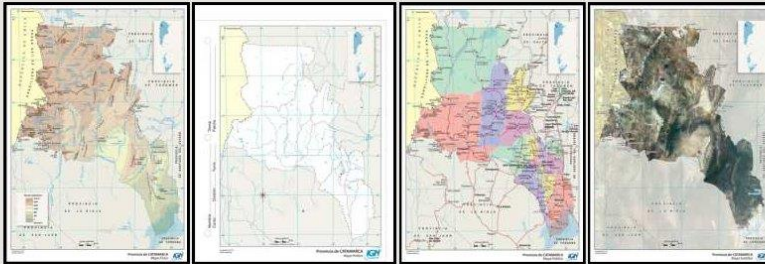


Mapas de la Provincia de Buenos Aires

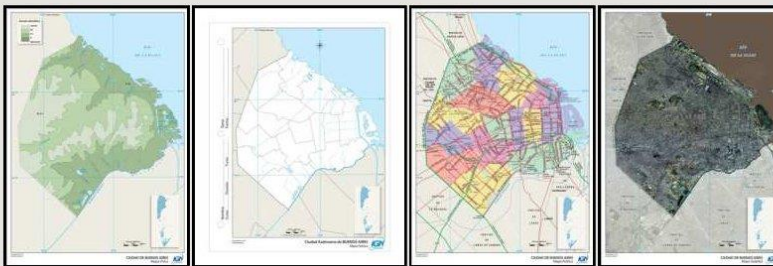


<https://www.ign.gob.ar/AreaServicios/Descargas/mapasEscolares> 1/9

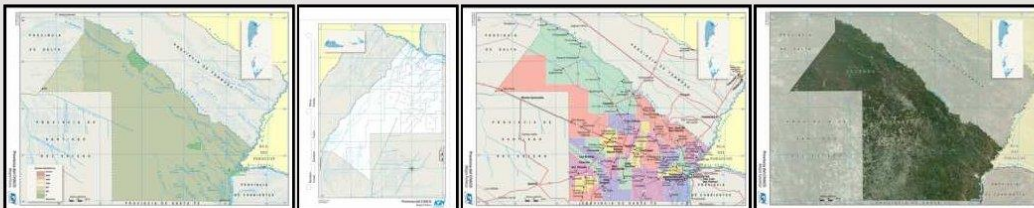
Mapas de la Provincia de Catamarca



Mapas de la Ciudad Autónoma de Buenos Aires



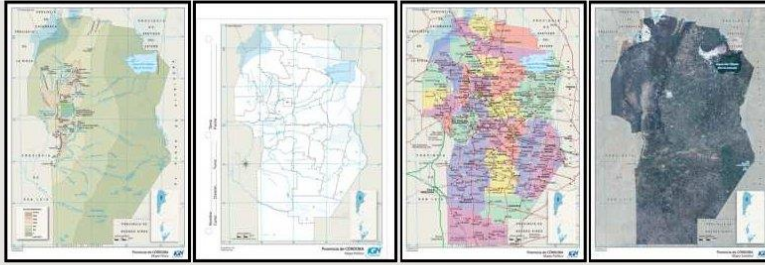
Mapas de la Provincia del Chaco



Mapas de la Provincia del Chubut



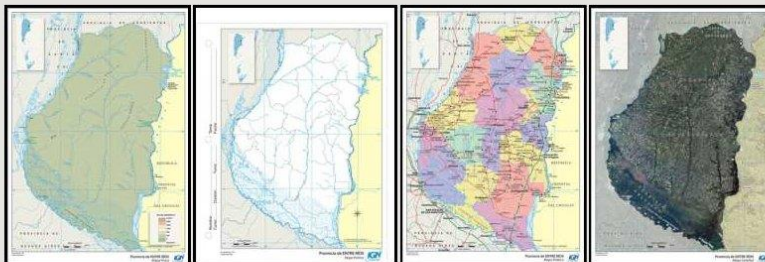
Mapas de la Provincia de Córdoba



Mapas de la Provincia de Corrientes



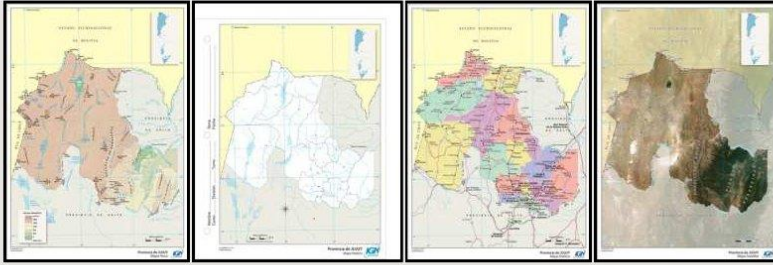
Mapas de la Provincia de Entre Ríos



Mapas de la Provincia de Formosa



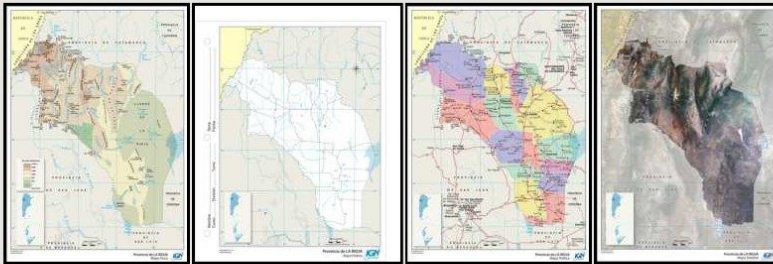
Mapas de la Provincia de Jujuy



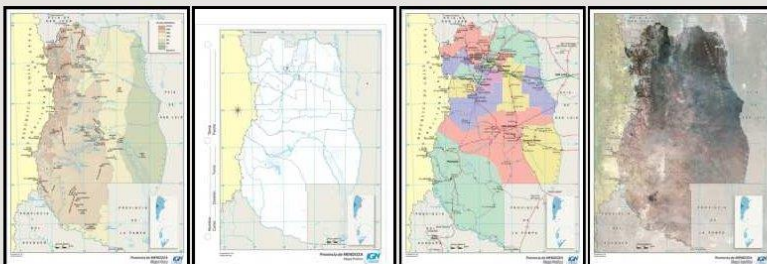
Mapas de la Provincia de La Pampa



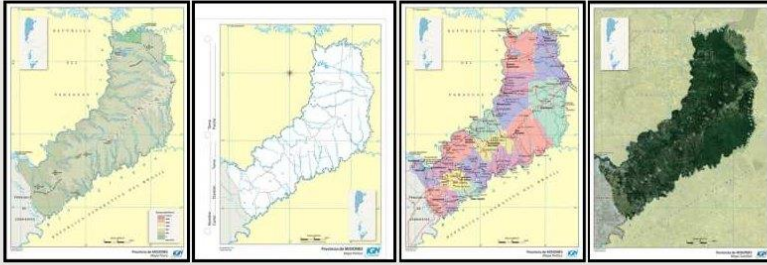
Mapas de la Provincia de La Rioja



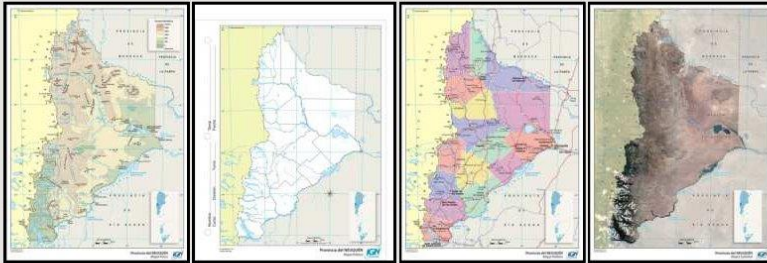
Mapas de la Provincia de Mendoza



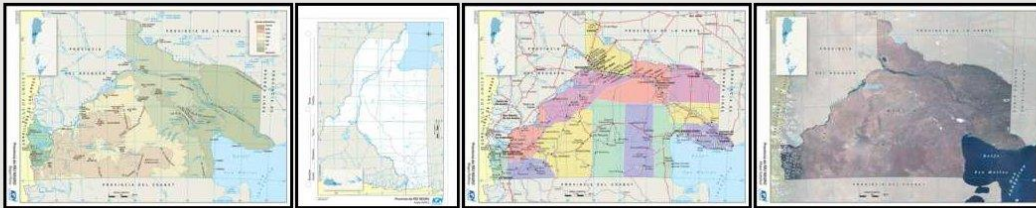
Mapas de la Provincia de Misiones



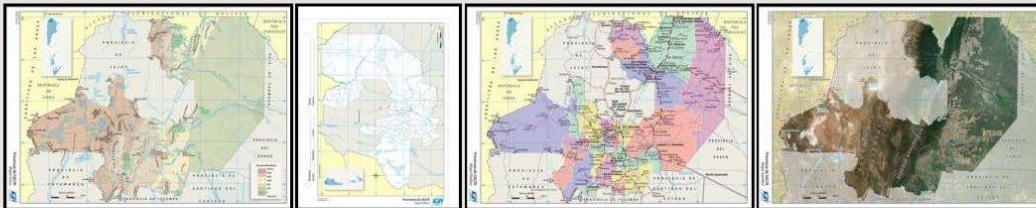
Mapas de la Provincia del Neuquén



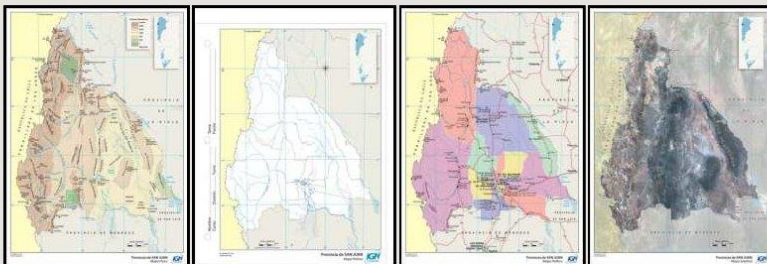
Mapas de la Provincia de Río Negro



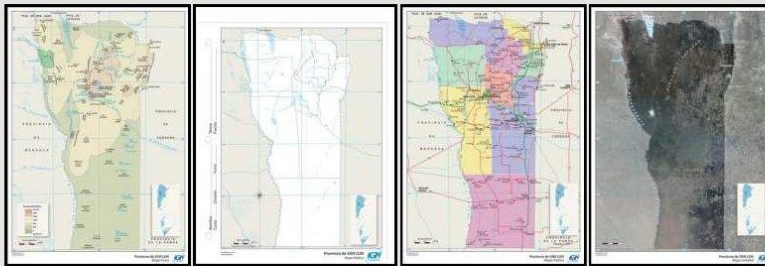
Mapas de la Provincia de Salta



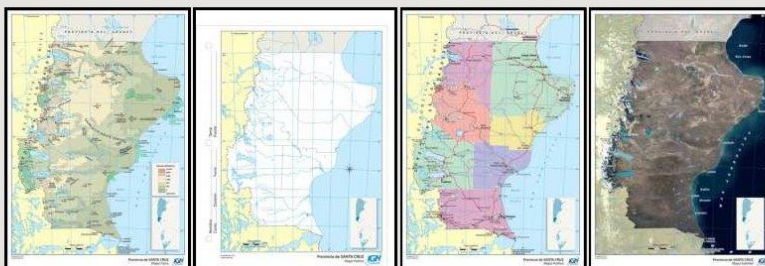
Mapas de la Provincia de San Juan



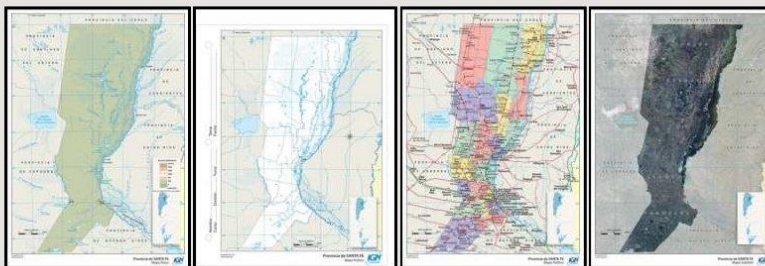
Mapas de la Provincia de San Luis



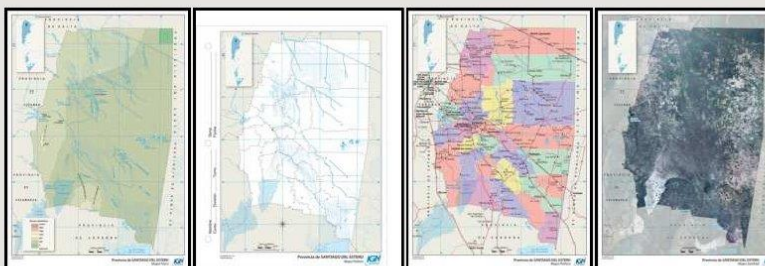
Mapas de la Provincia de Santa Cruz



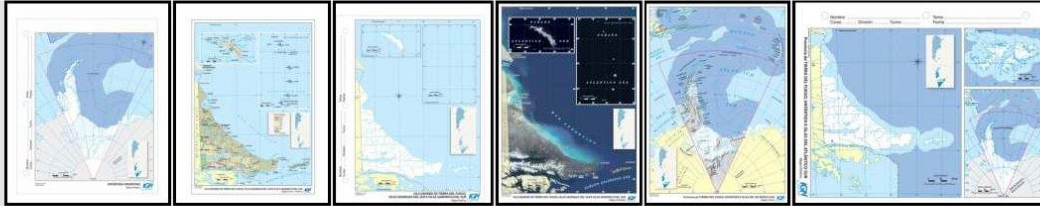
Mapas de la Provincia de Santa Fe



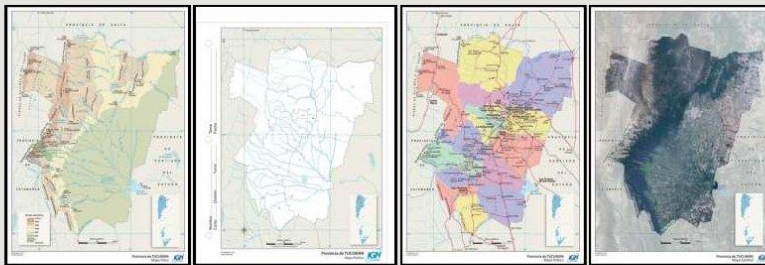
Mapas de la Provincia de Santiago del Estero



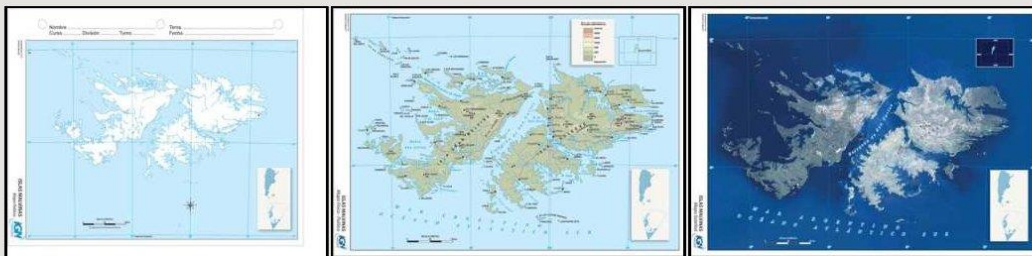
Mapas de la Provincia de Tierra del Fuego, Antártida e Islas del Atlántico Sur



Mapas de la Provincia de Tucumán



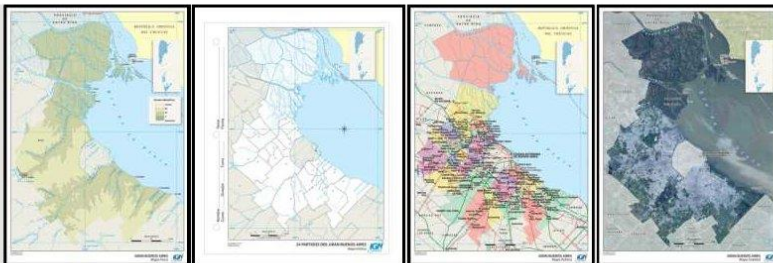
Mapas de las Islas Malvinas



Cartas de las Islas Malvinas



Mapas de Gran Buenos Aires



Esta obra está bajo una Licencia Creative Commons Atribución-CompartirIgual 4.0 Internacional.



Avda.Cabildo 381 - C1426AAD - C.A.B.A.
República Argentina

Teléfonos:

Secretaría Presidencia: 4576-5566
Dir. Gral. de Administración y RRHH: 4576-5619
Departamento de Ventas (WhatsApp): +54 9 11 7058-8204

Horario:

Lunes a Viernes de 7:00 a 15:00 hs.
Horario Dpto Ventas:
Lunes a Viernes 9:00 a 17:00 hs.

ENLACES

[Argentina.gob.ar](https://www.argentina.gob.ar)

[Ministerio de Defensa](https://www.ministeriodedefensa.gov.ar)

[SHN](https://www.shn.gov.ar)

[SMN](https://www.smn.gov.ar)

[CITEDEF](https://www.citeDEF.gov.ar)

[MINCYT](https://www.mincyt.gov.ar)

[CONAE](https://www.conae.gov.ar)

[COMPRAR](https://www.comprar.gov.ar)

[IDERA](https://www.idera.gov.ar)

[UNDEF](https://www.unDEF.gov.ar)

[IPGH](https://www.ipGH.gov.ar)

[IUCG](https://www.iucG.gov.ar)

[ANG](https://www.ANG.gov.ar)

[SIRCAS](https://www.sircAS.gov.ar)

[CAEA](https://www.cAEA.gov.ar)

Figura 1.3. Provincias del noroeste argentino que constituyen el límite sur del Centro Andino de domesticación de *P. vulgaris* (Mapa de Argentina FUENTE: Instituto Geográfico Nacional de la República Argentina. <https://www.ign.gob.ar/NuestrasActividades/InformacionGeoespacial/CapasSIG>).

Términos y Condiciones de Uso:

- Debe reconocerse la autoría del Instituto Geográfico Nacional de la República Argentina.
- Se debe compartir de manera libre y gratuita.
- Se permite su uso comercial únicamente en el caso de obras derivadas en que la información sea utilizada como insumo para generar un nuevo producto.
- El IGN no se responsabiliza por las consecuencias de la utilización de la información descargada.

Términos y Condiciones de uso de la información descargada del sitio web del Instituto Geográfico Nacional

I. Introducción

Los presentes Términos y Condiciones son aplicables a toda persona física o jurídica, que descargue, utilice, reutilice y/o redistribuya información descargada del sitio web del Instituto Geográfico Nacional de la República Argentina.

II. Responsabilidad. Garantías. Seguridad

La utilización de la información descargada del sitio web del Instituto Geográfico Nacional se realizará por parte de los Usuarios bajo su propia cuenta y riesgo, correspondiéndoles en exclusiva a ellos responder frente a terceros por daños que pudieran derivarse de ella. El Instituto Geográfico Nacional no será responsable del uso que de su información hagan los Usuarios, ni tampoco de los daños sufridos o pérdidas económicas que, de forma directa o indirecta, ello pudiere producir.

El Usuario deslinda al Instituto Geográfico Nacional de responsabilidad sobre la información de la que éstos hagan uso, no pudiendo en consecuencia reclamar por errores u omisiones en esta información y materiales. Debido a que ninguna transmisión por Internet puede garantizar su íntegra seguridad, el Instituto Geográfico Nacional no puede garantizar que la información transmitida utilizando su servicio sea completamente segura, con lo cual el Usuario asume este riesgo que declara conocer y aceptar.

El Instituto Geográfico Nacional no está obligado a garantizar ininterrumpidamente la continuidad en la puesta a disposición de la información, ni en contenido ni en forma, ni asume responsabilidades por cualquier error u omisión contenido en ellos.

III. Información sobre errores o problemas

Cualquier inquietud, consulta, problema o sugerencia que los Usuarios tengan en relación a la información descargada podrán ser reportados a la casilla de correo contacto@ign.gob.ar

Política de licenciamiento de datos

I. Usos permitidos de la información descargada del sitio web

Los presentes términos y condiciones permiten la utilización de la información descargada de la página web del Instituto Geográfico Nacional de acuerdo a las siguientes condiciones:

1. Debe citarse la fuente de los documentos objeto de la reutilización: "FUENTE: Instituto Geográfico Nacional de la República Argentina".

2. No se podrá indicar, insinuar o sugerir que el Instituto Geográfico Nacional, participa, patrocina o apoya la utilización o reutilización de la misma.

3. Deben conservarse, y por tanto no alterarse ni suprimirse los metadatos sobre la fecha de actualización y las condiciones de reutilización aplicables incluidos, en su caso, en el documento puesto a disposición para su utilización o reutilización.

4. En el caso de que se generen productos derivados, deberá además mencionarse la fecha de los datos originales del IGN.

5. Los datos descargados deben compartirse de manera libre y gratuita.

6. Se permite su uso comercial únicamente en el caso de obras derivadas en que la información sea utilizada como insumo para generar un nuevo producto.

La reutilización puede incluir la copia, difusión, modificación, adaptación, extracción, reordenamiento y combinación de la información contenida en el sitio, siempre que su utilización no desnaturalice el sentido de la información.

Controversias judiciales. Jurisdicción aplicable

7. Toda controversia que se suscite en relación al incumplimiento de los Términos y Condiciones de Utilización de información descargada del sitio web del Instituto Geográfico Nacional, y con la Política de licenciamiento de datos expuesta precedentemente, serán competentes para entender los Tribunales Federales con asiento en la Ciudad Autónoma de Buenos Aires.

8. A tales efectos, el Instituto Geográfico Nacional constituye domicilio en Avenida Cabildo 381, Ciudad Autónoma de Buenos Aires.



El objetivo de este trabajo fue evaluar la diversidad presente en 236 accesiones (142 poblaciones silvestres y 94 variedades locales) de judía del Noroeste de Argentina (NOA). Los caracteres agromorfológicos, moleculares y ecogeográficos utilizados permitieron una descripción completa de la agrobiodiversidad existente en el germoplasma evaluado. Las variedades locales presentaron mayor variación agromorfológica que las poblaciones silvestres en el 88% de los caracteres y el análisis molecular de la varianza mostró diferencias significativas entre los grupos silvestre y variedades locales. Además, se visualizó que las poblaciones silvestres se encuentran en un mayor número de áreas con alta diversidad ecogeográfica.