CARACTERIZACIÓN MORFOLÓGICA Y MOLECULAR DE LOS RECURSOS GENÉTICOS DE BALSO BLANCO *Heliocarpus americanus* Watss. EN EL DEPARTAMENTO DE NARIÑO

DANITA ANDRADE DÍAZ

UNIVERSIDAD DE NARIÑO
MAESTRIA EN CIENCIAS AGRARIAS
AREA DE ÉNFASIS EN PRODUCCIÓN DE CULTIVOS
SAN JUAN DE PASTO
2015

CARACTERIZACIÓN MORFOLÓGICA Y MOLECULAR DE LOS RECURSOS GENÉTICOS DE BALSO BLANCO *Heliocarpus americanus* Watss. EN El DEPARTAMENTO DE NARIÑO

DANITA ANDRADE DÍAZ

Trabajo de grado presentado como requisito parcial para optar al título de Magíster en Ciencias Agrarias con Énfasis en Producción de Cultivos

Director de Trabajo
TULIO CESAR LAGOS BURBANO I.A., Ph.D

UNIVERSIDAD DE NARIÑO
MAESTRIA EN CIENCIAS AGRARIAS
AREA DE ÉNFASIS EN PRODUCCIÓN DE CULTIVOS
SAN JUAN DE PASTO
2015

“Las ideas y conclusiones aportadas en la tesis de grado son responsabilidad exclusiva de los autores”

Artículo 1°. Del Acuerdo n° 324 de octubre 11 de 1966 emanado del Honorable Consejo Directivo de la Universidad de Nariño.

NOTA DE ACEPTACIÓN

_____
Hernando Criollo Escobar. I.A. Ph.D.
Jurado delegado

_____
Liz Katherine Lagos Santander. I.A. M.Sc.
Jurado

_____
Jorge Fernando Navia Estrada. I.A. Ph.D.
Jurado

_____
Tulio Cesar Lagos Burbano. I.A. Ph.D.
Director

San Juan de Pasto, Noviembre de 2015

AGRADECIMIENTOS

Deseo agradecer a la fuerza espiritual que me reconforto en momentos de soledad, miedo y desesperación, donde para mi nada tenía sentido.

Le doy gracias a mi familia por la oportunidad y apoyo brindado en el proceso de alcanzar mis metas.

Le agradezco la confianza, apoyo y dedicación de tiempo a mis profesores: Tulio Cesar Lagos Burbano, Liz Katherine Lagos Santander, por haber compartido conmigo sus conocimientos y sobre todo su amistad.

Gracias a los Ingeniero, David Duarte, Jhony Portillo, Julieth López, Viviana Benavides, Álvaro Castillo, Héctor Ordoñez y Andrés Benavides por la colaboración brindada.

Muchas gracias a COLCIENCIAS, a la Universidad de Nariño y al Grupo de Investigación en Producción de Frutales Andinos (GPFA), por darme la oportunidad de realizar esta investigación.

Y gracias al personal del Alma mater que de una u otra forma me facilitaron el espacio, materiales y equipos necesarios para la obtención de algunos de los resultados, especialmente a: Javier Hemilo Narváez, Gerardo Arteaga (Servicios Generales), Juan Carlos (Laboratorio de Suelos), Gustavo Ponce (Laboratorio de Materiales de Ingeniería Civil), Vanesa López (Laboratorio de Biología molecular), Jairo (Química) y el loco de física.

DEDICATORIA:

A mis padres Fernando Andrade y Odila Díaz, quienes fueron un gran apoyo emocional durante el tiempo en que ejecutaba y escribía esta tesis.

A esas pequeñas e inocente motivaciones que llegaron a mi vida, mi sobrino José David y mi hija Nacha.

A mis familiares, amigos y compañeros quienes me acompañaron todo el tiempo.

A mis maestros quienes nunca desistieron al enseñarme, aun sin importar que muchas veces no aceptaba sus recomendaciones; a ellos que continuaron depositando su confianza en mí.

A los sinodales quienes estudiaron mi tesis y la aprobaron.

A todos los que me apoyaron para escribir y concluir esta tesis.

Para ellos es esta dedicatoria, pues es a ellos a quienes se las debo por su apoyo incondicional.

RESUMEN

El Balso blanco *Heliocarpus americanus* Watss. es un forestal leñoso perteneciente a la familia Malvaceae. Es originario de Centro América y se encuentra extendida desde el sureste de México hasta Paraguay. En Colombia se desarrolla de forma natural en regiones cálidas y húmedas, desde los 0 a los 2600 msnm (Vásquez *et al*., 2006); especialmente en ecoregiones de las tres cordilleras: bosques húmedos tropicales (bh-T), bosques húmedos premontanos (bh-PM), bosques muy húmedos premontanos (bmh-PM) y en bosques muy húmedos montano bajos (bmh-MB) (Álvarez, 2004); y no se produce en forma de cultivo.

H. americanus se caracteriza por ser una especie de rápido crecimiento utilizada en la protección de cuencas y fuentes de agua; y porque en bosques, junto con otras especies, genera un reservorio de alta biodiversidad faunística y florística; sin embargo su importancia radica en el uso artesanal que se le da como aglutinante natural en el proceso de producción de panela; debido a que cuando la corteza entra en contacto con el agua produce un mucilago utilizado para la limpieza del jugo de caña.

En Colombia la corteza de *H. americanus*, es un insumo de alta demanda, por cuanto el cultivo y procesamiento de la caña, constituye una importante actividad socioeconómica y agroindustrial. El mucilago natural obtenido de esta especie es el que provee los mejores resultados, para este proceso y es el de mayor uso y aceptación en Nariño y en otros departamentos productores, como Antioquia.

En Nariño, debido a sus altos requerimientos por la alta producción de panela, al método artesanal de extracción de la corteza, a la baja eficiencia de los aglutinantes químicos, a las nulas prácticas de conservación de los árboles explotados y la falta de políticas de reforestación, *H. americanus* corre el riesgo de sufrir erosión genética.

Actualmente se desconoce si el uso excesivo que se le ha dado a esta especie ha causado perdida en su variabilidad; de hecho, si este proceso continuo, la especie se quedará sin haberse estudiado en aspectos morfológicos y moleculares más aun, sin haber determinado la variabilidad real y su respectiva dispersión espacial.

Por lo tanto, teniendo en cuenta su alto valor agroecológico e industrial, surge la necesidad de iniciar la identificación de su diversidad genética para futuros procesos de conservación. De ahí que sea importante contar con estudios de caracterización que permitan clasificar y agrupar individuos de la especies dependiendo de su similitud y contar con bases para renovar los árboles perdidos con árboles de buenas características, propagados con base en los resultados de

este proyecto que dirá, cuales son y donde están los individuos que se deben conservar y propagar.

Este proyecto se enfocó en determinar la distribución geográfica de la especie en 15 municipios del departamento de Nariño, los datos de georreferenciación se analizaron en el programa MaxEnt y se modelaron en Diva Gis. Una vez identificados los sitios de evaluación se eligieron, por medio de un muestreo aleatorio estratificado, 51 árboles que fueron caracterizados mediante descriptores morfológicos y marcadores moleculares tipo RAM´s (Random Amplified Microsatellites). Los datos obtenidos en la caracterización morfológica fueron sometidos a Análisis de Correspondencia Múltiple (ACM) y Análisis de Componentes Principales (ACP), mientras que a los de la caracterización molecular se analizaron a través del método de Nei y Li mediante el programa TFPGA (Tools for Population Genetic Analysis) y finalmente se realizó un análisis clúster.

Acorde con los resultados, *Heliocarpus americanus* está distribuido a lo largo de la zona andina del departamento de Nariño entre los 1200 y 2500 msnm, siendo el municipio del Tambo el que presenta mayor número de individuos. Los caracteres cuantitativos de mayor aporte a la variabilidad de *H. americanus* son los relacionados con madera, corteza, hojas y frutos; en los cualitativos corresponden a características de tronco, copa y hojas. La información de los patrones de bandas obtenidos permitió estimas los valores de polimorfismo y heterocigosidad promedia insesgada de *H. americanus* los cuales fueron altos, especialmente los mostrados por los cebadores CA y TG. La mayor distancia genética se presentó entre los individuos GU128-1 localizado en el municipio de Guachavez y CO145 del municipio de Consacá.

Palabras clave: Balso blanco, Caña panelera, Descriptores, Cebadores, Distribución geográfica

ABSTRACT

Balso blanco *Heliocarpus americanus* Watts. is the forest woody one belonging to the family Malvaceae. It is original of Central America and is extended from the south-east of Mexico up to Paraguay. Colombia develops naturally in warm and damp regions from the 0 to the 2600 meters (Vasquez *et al*., 2006); especially in the ecoregions of the three mountain ranges: tropical moist forests (bh-T), humid premontane forests (bh-PM), (bmh-PM) and in very wet low mountain forest (bmh-MB) (Álvarez, 2004); and it does not occur in the form of cultivation.

H. americanus is characterized by a fast-growing species used in the protection of watersheds and water sources; and because in forests,together with other species, it generates a reservoir of high biodiversity of fauna and flora; Nevertheless its importance takes root in the handcrafted use that gives it as natural binder agent in the process of production of panela; due to the fact that when the crust enters in touch with the water it produces a mucilage used for the cleanliness of sugar cane juice.

In Colombia the crust of *H. americanus*, it is a high demand input, since the cultivation and processing of the cane, it constitutes an important socioeconomic and agroindustrial activity. The natural mucilage obtained of this species is the one that provides the best results, for this process and is that of major use and acceptance in Nariño and in other producing departments, as Antioquia

In Nariño, due to his high requirements for the high production of panela, to the handcrafted method of extraction of the crust, to the low efficiency of the chemical cementing agents, to the void practices of conservation of the exploited trees and the lack of policies of reforestation, *H. americans* run the risk of suffering genetic erosion.

It is currently unknown if overuse that has been given to this species has caused loss in its variability; in fact, if this continuous process, the species will remain without have been studied in molecular and morphological aspects even more, having determined the real variability and their respective spatial dispersion.

Therefore, taking into account its high-value agro-ecological and industrial, arises the need to initiate the identification of genetic diversity for future conservation. Hence, it is important to have studies of characterization that allow to classify and bring individuals of the species depending on their similarity and have bases to renew the trees lost with good features trees, spread based on the results of this project which will say, what and where are individuals which must preserve and propagate.

This project focused on determining the geographical distribution of the species in 15 municipalities of the Department of Nariño, Georeferencing data were analyzed in the MaxEnt program and were modeled in Diva-Gis. Once identified the evaluation sites were chosen, by means of a stratified random sampling, 51 trees that were characterized by morphological descriptors and molecular markers type RAM´s (Random Amplified Microsatellites). The data obtained in the morphological characterization were subjected to Multiple correspondence analysis (ACM) and analysis of principal components (ACP), while that of the molecular characterization were analyzed using the method of Nei and Li TFPGA program (Tools for Population Genetic Analysis) and finally a cluster analysis was performed.

According to the results, *Heliocarpus americanus* is distributed along the Andean zone of the Department of Nariño between 1200 and 2500 m, being the municipality of el Tambo presenting greater number of individuals. Quantitative characters of greater contribution to the variability of *H. americanus* are those related to wood, bark, leaves, and fruits; in the qualitative correspond to characteristics of trunk, Cup and leaves. The obtained information of the banding patterns allowed estimates the values of polymorphism and heterozygosity average unbiased of *H. americanus* which were high, especially those shown by the CA and TG primers. The largest genetic distance arose between GU128-1 individuals located in the municipality of Guachavez and the municipality of Consaca CO145.

Key word: Balso blanco, Panela cane, Descriptors, Starter, Geographical distribution.

CONTENIDO

INTRODUCCION 1
1. REVISION DE LITERATURA 3
1.1. Balso blanco (*Heliocarpus americanus* Watss.) 3
1.1.1. Clasificación taxonómica, origen y distribución geográfica 3
1.1.2. Descripción botánica de la especie 4
1.1.3. Propagación 5
1.1.3.1. Propagación por semilla 5
1.1.3.2. Propagación vegetativa 6
1.1.4. Fenología y biología floral 7
1.1.5. Usos e importancia 7
1.2. Modelos de distribución de especies 9
1.2.1. Aplicaciones de modelos de distribución de especies utilizando el programa Maxent 10
1.3. Recursos fitogenéticos 11
1.3.1. Definición 11
1.3.2. Principios sobre explotación de recursos fitogeneticos 12
1.3.3. Conservación y utilización de los recursos fitogenéticos 14
1.3.4. Métodos de conservación de especies vegetales 15
1.3.5. Evaluación y caracterización del germoplasma 16
1.3. Descriptores 17
1.3.1. Definición 17
1.3.1.1. Descriptores del sitio y del medio ambiente 17
1.3.1.2. Descriptores de caracterización 18
1.3.1.3. Descriptores de evaluación 18
1.4. Caracterización molecular 18
1.4.1. Marcadores moleculares 19
1.4.2. Marcadores RAMs (Random Amplified Microsatellites) 19
1.5. Caracterización morfológica 20
2. METODOLOGÍA 21
2.1. Localización 21

2.2. Distribución geográfica de *H. americanus* en la zona Andina del departamento de Nariño 21
2.3. Caracterización morfológica 25
2.4. Caracterización molecular 26
3. RESULTADOS Y DISCUCIÓN 29
3.1. Distribución geografía de *Heliocarpus americanus* Watss. en el departamento de Nariño 29
3.2. Caracterización morfológica 38
3.2.1. Análisis de componentes principales (ACP) 38
3.2.1.1. Análisis de clasificación con base en variables cuantitativas 40
3.2.2. Análisis de Correspondencias Múltiples (ACM) 45
3.2.2.1. Análisis descriptivo de variables cualitativas 45
3.2.2.2. Análisis de los valores propios 49
3.2.2.3. Análisis de clasificación 51
3.3. Caracterización molecular 55
3.3.1. Extracción de ADN 55
3.3.2. Características de los cebadores 57
3.3.3. Diversidad Genética 60
3.3.4. Análisis de clasificación 62
3.3.5. Análisis espacial de la diversidad 65
CONCLUSIONES 68
BIBLIOGRAFÍA 69
ANEXOS 82

LISTA DE FIGURAS

Figura 1. Distribución geográfica en porcentaje de *Heliocarpus americanus* Watts. en la zona andina del departamento de Nariño (2013). 29

Figura 2. Distribución Geográfica de las presencias verdaderas de Balso blanco (*Heliocarpus americanus* Watss.) en el departamento de Nariño (2012).....30

Figura 3. Análisis de Omisión y Comisión (AUC) del modelo de distribución de *Heliocarpus americanus* Watss. según variables bioclimáticas correlacionadas con presencias verdaderas de la especie en el departamento de Nariño. 31

Figura 4. Prueba de Jackknife para determinar del aporte de variables bioclimáticas al modelo de distribución de *Heliocarpus americanus* Watss.....33

Figura 5. Distribución potencial de *Heliocarpus americanus* Watss. en la zona andina del departamento de Nariño. 34

Figura 6. Dendograma de la georeferenciación de *Heliocarpus americanus* Watss. formados a partir del ACP de las variables climáticas estimadas. 37

Figura 7. Dendograma del Análisis de Clasificación Jerárquico con base en variables cuantitativas caracterizadas en individuos de *Heliocarpus americanus* Watss. caracterizados en el departamento de Nariño. 44

Figura 8. Distribución de las clases y de los individuos de *Heliocarpus americanus* Watss. en el plano cartesiano formado por los factores principales uno y dos. 45

Figura 9. Características predominantes en tronco de *Heliocarpus americanus* Watss.. 45

Figura 10. Características predominantes en corteza de *Heliocarpus americanus* Watss.. 48

Figura 11. Características predominantes en copa de *Heliocarpus americanus* Watss.. 48

Figura 12. Características predominantes en hojas de *Heliocarpus americanus* Watss. 49

Figura 13. Características predominantes en frutos, flores y semillas de *Heliocarpus americanus* Watss.....49

Figura 14. Dendograma del Análisis de Clasificación Jerárquico con base en variables cualitativas caracterizadas en individuos de *Heliocarpus americanus* Watss. caracterizados en el departamento de Nariño. 52

Figura 15. Distribución de las clases y genotipos de *Heliocarpus americanus* Watss. en el plano cartesiano de acuerdo a su aporte en la conformación de los factores uno y dos.....54

Figura 16. ADN de *Heliocarpus americanus* Watss. extraído mediante diferentes metodologías 56

Figura 17. Hibridación del Cebador TG a las cadenas de ADN complementario..58

Figura 18. Patrones de bandas de 51 individuos de *Heliocarpus americanus* Watss. obtenidos en los amplificados del microsatélite ACG. 59

Figura 19. Dendrograma del agrupamiento UPGMA para los 51 genotipos de *Heliocarpus americanus* Watss. caracterizados con seis marcadores RAMs.....64

Figura 20. Agrupamiento Jaccard para los 51 genotipos de *Heliocarpus americanus* Watss. caracterizados con descriptores morfológicos cualitativos, cuantitativos y marcadores RAMs.....65

LISTA DE TABLAS

Tabla 1. Información geográfica de los municipios muestreados para la distribución geográfica y caracterización in-situ de Balso blanco (*Heliocarpus americanus* Watss.) en la región Andina del departamento de Nariño. 22

Tabla 2. Parámetros utilizados por el programa BIOCLIM para generar los mapas de distribución potencial de Balso blanco (*Heliocarpus americanus* Watss.) en la región Andina del departamento de Nariño. 23

Tabla 3. Cebadores utilizados en la técnica Microsatélites RAMs (Muñoz *et al.,* 2008) para la caracterización molecular de 51 genotipos de *Heliocarpus americanus* Watss. 27

Tabla 4. Cóctel para la amplificación por RAMs (Muñoz *et al*., 2008). 28

Tabla 5. Análisis de la contribución de las variables bioclimáticas 32

Tabla 6. Histograma de los valores propios que explican la agrupación de zonas de presencias verdaderas de *Heliocarpus americanus* Watss. 35

Tabla 7. Correlación variable-factor de las variables bioclimáticas sobre los factores o componentes.....36

Tabla 8. Análisis de correlación entre variables cuantitativas evaluadas en los recursos genéticos de *Heliocarpus americanus* Watss. del departamento de Nariño. 38

Tabla 9. Valores propios de los componentes principales, que explican la variabilidad de los recursos genéticos de *Heliocarpus americanus* Watss. caracterizados en el departamento de Nariño (Variables cuantitativas). 39

Tabla 10. Correlación variable-factor de cada una de las variables sobre los cinco primeros factores o componentes (Variables cuantitativas).....40

Tabla 11. Participación de los genotipos que conforman cada uno de los grupos en que se dividen los recursos genéticos de *Heliocarpus americanus* Watss., con base en las variables cuantitativas. 41

Tabla 12. Descripción de las cinco clases de *Heliocarpus americanus* Watss. establecidas con base en variables cuantitativas. 42

Tabla 13. Frecuencias de las categorías de cada variable cualitativa de *Heliocarpus americanus* Watss. sometidas a Análisis de Correspondencia Múltiple (ACM). 46
Tabla 14. Contribución porcentual de cinco valores propios del ACM a la variabilidad de *Heliocarpus americanus* Watss. en el departamento de Nariño. ..50

Tabla 15. Contribución de las variables cualitativas evaluadas en los recursos genéticos de *Heliocarpus americanus* Watss., a la conformación de los primeros cinco factores del ACM. 50

Tabla 16. Participación de los genotipos que conforman cada uno de los grupos en que se dividen los recursos genéticos de *Heliocarpus americanus* Watss., con base en las variables cualitativas.....51

Tabla 17. Descripción de los grupos o clases conformadas en el ACM de los recursos genéticos de *Heliocarpus americanus* Watss. del departamento de Nariño. 53

Tabla 18. Concentraciones de ADN de *Heliocarpus americanus* Watss. obtenidas mediante cuatro metodologías de extracción. 55

Tabla 19. Calidad de ADN de *Heliocarpus americanus* Watss. obtenido mediante cuatro metodologías de extracción. 57

Tabla 20. Número de locí polimórficos (L.P), heterosis promedia (HP), heterosis promedia insesgada (HPI), heterosis directa (HD), porcentaje de locí polimórficos con el criterio del 95% (LP 95%), obtenidos en seis cebadores RAMs en 51 genotipos de *Heliocarpus americanus* Watss. 57

Tabla 21. Proporción de la presencia de los seis cebadores RAMs en los 51 individuos de *Heliocarpus americanus* Watss. caracterizados en el departamento de Nariño. 60

Tabla 22. Agrupación de los genotipos de *Heliocarpus americanus* Wattss con base en los clúster obtenidos con variables cualitativas, cuantitativas y moleculares.....66

LISTA DE ANEXOS

Anexo 1. Descriptores morfológicos de Balso blanco (*Heliocarpus americanus* Watss.).....82

Anexo 2. Datos de pasaporte de los individuos de *Heliocarpus americanus* Watts. caracterizados fenotípica y genotípicamente.....96

Anexo 3. Datos de descriptores cuantitativos y cualitativos de individuos seleccionados de Balso blanco (*Heliocarpus americanus* Watss). 98

Anexo 4. Protocolo para extracción de ADN de plantas de Dellaporta *et al*. (1983) con algunas modificaciones.....102

Anexo 5. Protocolo para extracción de ADN de Doyle and Doyle (1990) con algunas modificaciones.....104

Anexo 6. Protocolo de Extracción del ADN genómico con el método de Saghai-Maroof *et al*. (1984).....105

Anexo 7. Protocolo Kit comercial de extracción de ADN (GeneJET plant Genomic ADN ®) con polivinilpirrolidona (PVP).....107

Anexo 8. Matriz de ceros y unos para los seis marcadores RAMs evaluados en 51 genotipos de *Heliocarpus americanus* Watss. 108

Anexo 9. Resumen de las estadísticas de variación genética para todos los locí generados por los seis cebadores RAMs. 116

Anexo 10. Identidades (encima de la diagonal) y distancias genéticas insesgada (debajo de la diagonal) de Nei (1978) para 51 genotipos de Balso blanco *Heliocarpus americanus* Watss. evaluadas con seis marcadores de tipo RAMs. 117

Anexo 11. Análisis de regresión de la relación entre el número efectivo de alelos por locus (Ae) y la heterocigosidad (he). 119

INTRODUCCION

El Balso banco *Heliocarpus americanus* Watss. es una especie forestal de la familia Malvaceae, originaria de Centroamérica (APG, 2003 y Conabio, 2009). Se encuentra distribuida desde el sureste de México hasta el noreste de Argentina y habita de forma natural en bosques secundarios (Robyns, 1964 y Álvarez, 2004). En Colombia se encuentra desde los 0 a los 2600 msnm a lo largo de la cordillera de los Andes, especialmente en regiones con temperaturas desde los 18 a 21°C y precipitaciones que oscilan entre los 1500 a 2500 mm/año (Álvarez, 2004 y Pérez, 1996).

En Colombia, esta especie posee gran importancia ecológica y agroindustrial, debido a que por sus características, de rápido crecimiento y capacidad de protección de fuentes de agua, contribuye a la recuperación de suelos degradados y genera reservorios de biodiversidad florística; además, su corteza es el insumo más utilizado para la clarificación de jugos en el proceso de producción de panela, ya que al entrar en contacto con el agua produce un mucilago con propiedades aglutinantes, el cual se emplea para la extracción de sólidos insolubles en los jugos de la caña panelera, siendo la alternativa más sana, económica, de mayor aceptación y de mejores resultados en este proceso (Acero, 1985; Aroca y Montilla, 2006; Ortiz, 2005 y Prada, 2002).

Es notorio que en el departamento de Nariño la agroindustria panelera es una actividad socioeconómica importante, por cuanto existen 15.152 ha sembradas con el cultivo de la Caña; cuya producción (9,6 t/ha) es destinada, en su totalidad, a la fabricación de panela (MADR, 2013); para obtener una tonelada de panela se deben procesar 1,8 t de caña, lo cual requiere 116 Kg de corteza de Balso blanco (GPFA, 2011). Por este motivo la situación actual del Balso blanco es muy precaria, ya que se ha reducido considerablemente el número de individuos maduros de esta especie, como consecuencia de los altos requerimientos de este insumo para la producción de panela, la sobre explotación de las formaciones naturales, el método artesanal de extracción de la corteza y la falta de políticas de reforestación con estos árboles (Aroca y Montilla, 2006 y Ortiz, 2005). Por cuanto, la corteza de Balso blanco es un recurso comercial potencial para la agroindustria del departamento.

Su conservación es un tema prioritario, no solo por su importancia industrial en la cadena productiva de la caña panelera, sino por su adaptabilidad a diferentes situaciones ecológicas y los recursos genéticos que supone. No obstante, se ha señalado que una de las causas de la perdida de la diversidad genética y la baja

utilización de los recursos filogenéticos es la falta de información sobre éstos (Gonzáles, 2011).

A pesar de la sobreexplotación e importancia de esta especie, la literatura e investigaciones reportadas son muy escasas. Actualmente, en el departamento de Nariño, se han desarrollado trabajos orientados a establecer su comportamiento mitótico y meiotico y a conocer aspectos de la biología floral y características morfológicas del fruto y semillas (Benavides y Lagos, 2014 y Rendón y Lagos, 2015). Sin embargo, para iniciar programas de mejoramiento genético se requiere conocer la distribución geográfica de la especie, estudiar sus aspectos morfológicos y moleculares de modo que se determine su variabilidad real

De ahí la importancia de contar con estudios, que permitan determinar la variabilidad de caracteres moleculares y morfológicos de *H. americanus* en la zona andina del departamento de Nariño y determinar si existen grupos diferenciales de la especies según su origen o variabilidad genética.

Teniendo en cuenta lo anterior, los objetivos de este trabajo fueron los siguientes:

Establecer la distribución geográfica de Balso blanco en la zona andina del departamento de Nariño.

Caracterizar con base en descriptores morfológicos cuantitativos y cualitativos árboles de Balso blanco ubicados en la zona andina del departamento de Nariño.

Caracterizar con base en marcadores RAMs la diversidad genética de Balso blanco.

Con base en la caracterización morfológica y molecular determinar grupos acorde con su distancia genética o morfológica.

1. REVISION DE LITERATURA

1.1. Balso blanco (*Heliocarpus americanus* Watss.)

1.1.1. Clasificación taxonómica, origen y distribución geográfica

Según APG (2003), el Balso blanco se clasifica de la siguiente manera:

Reino: Plantae

Phylum: Anthophyta

Clases: Dicotyledoneae

Orden: Malvales

Familia: Malvaceae

Subfamilia: Grewiaideae

Nombre científico: *Heliocarpus americanus* Watss.

Nombres comunes: Majaguillo, Balso, Palo bobo, Pestaña de mula, Majao, Melao, Majagua blanca, Tamborcito, Balsa, Boya.

H. americanus es una especie originaria de Centroamérica, que se ha extendido hasta Suramérica; se encuentra en los bosques montanos de Costa Rica y de Panamá a altitudes de 1300 a 1500 msnm (Conabio, 2009). Pérez (1996) indica que se desarrolla en regiones que presentan un rango altitudinal de 1200 a 1700 msnm, una precipitación de 1500-2500 mm/año y una temperatura que varía entre 18.5 y 21 °C.

En Colombia se encuentra en sus tres cordilleras, en las regiones cálidas y húmedas; por ejemplo, en el departamento de Cundinamarca está entre los 0 a los 2600 mnsm, en bosques húmedos tropicales (bh-T), en bosques húmedos premontanos (bh-PM), en bosques muy húmedos premontanos (bmh-PM) y en bosques muy húmedos montano bajos (bmh-MB) (Álvarez, 2004).

Además, se haya en la Sierra Nevada de Santa Marta y en las estribaciones de las cordilleras específicamente en los cafetales, linderos de las zonas que bordean las riveras de los ríos y en los rastrojos de zonas bajas (Mahecha y Echeverri, 1983).

1.1.2. Descripción botánica de la especie

H. americanus es un árbol que alcanza de 10 a 25 m de altura con un fuste de 5 a 15m y de 10 a 80 cm de diámetro; con una copa muy grande en forma de paraguas (aparasolada), conformada por ramas gruesas e inclinadas. En los primeros años de edad, sus ramas son de color amarillento y poseen pubescencias. El tronco es recto y cilíndrico, ramificado a baja altura, con corteza lisa, blanco grisáceo. Al interior, la corteza es de color crema rosado, se desprende en tiras muy largas y es mucilaginosa (Espinal, 1982; Álvarez, 2004; Martínez, 1994; Ortiz, 2005).

Las hojas son simples, alternas, dispuestas en forma de hélice (helicoidales), con tres lóbulos acuminados (palmeadas), de 11-24 cm de largo y de 4-20 cm de ancho, con bordes aserrados y base cordada o truncada, peciolo largo y pubescente; presentan pequeñas estipulas libres, sentadas, lanceoladas, caducas y pubescentes; su envés posee pubescencias y es de color verde claro y su frente es de color verde oscuro (Espinal, 1982; Álvarez, 2004 y Martínez, 1994). Los nervios en la cara superior son de color rojizo amarillento con pubescencias blancas, mientras que los del envés son amarillento (Dörfle, 2002).

Las flores son pequeñas, estas dispuestas en inflorescencias en forma de panículas, la corola y el cáliz son tetrámeros (cuatro sépalos y cuatro pétalos), con simetría actinomorfa; el color de los pétalos es blanco y sus ejes son parecidos al color del óxido de hierro (ferrugíneo) y el de los sépalos es verde claro (Benavides y Lagos, 2014; Espinal, 1982; Álvarez, 2004 y Martínez, 1994). La flor presenta entre 15 a 18 anteras biloculares de color amarillo que se encuentran unidas al filamento. El pistilo tiene longitud de 1 mm, de color verde blanquecino y ovario de color verde claro. El estilo es bifurcado y brevistilo, es decir, que está por debajo de los estambres. El ovario es supero, de forma ovoide ubicado sobre un androginóforo corto (Benavides y Lagos, 2014).

El fruto es un aquenio múltiple (esquizocarpo), indehiscente. Puede medir de 2,45 a 15 mm de diámetro, son aplanados, tienen forma redondeada elipsoide, oval, ovoide u oblonga; poseen pestañas (ciliados), cerdillas plumosos radiales que miden entre 0,89 a 16,16 mm de largo cubiertas de pelos hirsutos, son de color marrón al madurar y rojizo en su estado juvenil, y cada uno tiene de 2 a 3 semillas. Su nombre genérico, se forma de la palabra griega “Helio”, porque su fruto es como un sol, ya que se disponen sobre una panícula densa con rayitas lanosas

(Benavides y Lagos, 2014; Espinal, 1982; Álvarez, 2004; Martínez, 1994; Hernandez, 1989).

Las semillas son semejantes al comino (condimento), de forma ovoide u ovada, con una depresión en el medio, color crema o marrón, opacas, duras y de textura pilosa (Benavides y Lagos, 2014 y Álvarez, 2004). Miden entre 1.75 a 2,10 mm de largo por 1,0 a 1,1 mm de ancho; cada semilla tiene dos cotiledones que se encuentran rodeados por un tejido nutricional (Hernández, 1989).

La madera de *H. americanus* es de color blancuzco, amarillo o grisáceo claro, peso liviano, muy suave, tiene un peso específico de 0,13 g/cm^3, un coeficiente de estabilidad dimensional de 3,31, posee poca durabilidad y es susceptible a pudrición (Acero, 1985; Dörfle, 2002); no presenta diferencias entre albura y duramen. Se observan líneas vasculares, lustre alto y de textura gruesa (Valverde y Rincón, 2008). Existen otras descripciones de su madera como la realizada por Richter y Dallwitz (2009), con cinco especímenes de Sudamérica tropical y Sur de Brasil, en la que mencionan que no se distinguen anillos de crecimiento, con duramen de color blanco, gris y café, de color uniforme y con una densidad de 0,29 g/cm^3.

1.1.3. Propagación

H. americanus se propaga mediante dos métodos: reproducción sexual o semilla y asexual o vegetativa.

1.1.3.1. Propagación por semilla

El estudio realizado en la Universidad de Nariño por Benavides y Lagos (2014), indican que las semillas tienen las siguientes características:

Contenido de humedad de la semilla: 13,64 %. De igual forma, Hernández (1989), observó que la humedad de las semillas se encuentra en un rango de 5 a 20 %

- Peso de 1000 semillas: 0,92 g
- Porcentaje de pureza: 88 %
- Porcentaje de viabilidad de semilla: 56,5 %
- Porcentaje de vaneamiento de semilla: 57,39 %
- Porcentaje de germinación: 64 %
- Punto máximo de energía germinativa: 21 días

Mientras que estudios realizados en la zona cafetera, proporcionan la siguiente información (Acero, 1985):

- Semillas por kilogramo: 967742
- Porcentaje de pureza: 57%
- Porcentaje de germinación: 11%
- Inicio de germinación: 21 días
- Punto máximo de energía germinativa: 28 días
- Tipo de germinación: Hipogea

Las semillas una vez maduras son diseminadas por el viento, de tal forma que deben ser recolectarlas directamente del árbol antes de su caída. Estas son muy difíciles de extraer del fruto y por lo tanto, los frutos son sembrados en un germinador a 0,5 cm de profundidad, 5 cm entre sitios y en hileras separadas entre sí por 10 cm. Cuando las plántulas alcanzan entre los 5 y los 10 cm de altura, se trasplantan a bolsas de polietileno y al medir entre los 20 y los 25 cm de altura se siembran en el lugar definitivo, teniendo en cuanta que en su estado juvenil requieren algo de sombra (Álvarez, 2004).

Trabajos realizados con *H. donnell-smithii y H. appendiculatus* Turczhan mostrado que la temperatura es el factor más influyente en la germinación y que esta se incrementa si la temperatura sube por encima de 31°C durante algunas horas de cada día o si la temperatura es fluctuante; además, las semillas pueden permanecer latentes durante varios meses aun estando enterradas en el suelo (Vásquez y Orozco, 1982). Hernández (1989), concluye que el rango óptimo de temperatura para la germinación está entre 18 y 34°C, siendo 29,3°C la temperatura donde se el 80% de germinación de las semillas en 48 horas; además encontraron que las semillas con peso de 1,3 a 1,7 mg son las que presentan un mayor porcentaje de germinación (75,3%), con respecto a semillas de menor tamaño (0,7mg) cuyo porcentaje fue de 20,5%.

1.1.3.2. Propagación vegetativa

De acuerdo con el trabajo realizado por Aroca y Montilla (2006), se obtiene un prendimiento del 40%, utilizando estacas, de 30 a 40 cm con diámetro de 3 a 5 cm, tomadas de ramas secundarias y terciarias de la parte media de un árbol joven con una altura de 2 a 3 m, pasado el periodo de fructificación y en horas de la mañana. Cada estaca se desinfecta con benomil al 3% y se sella la parte superior con parafina. El transporte se hace en papel periódico húmedo y antes de la siembra se tratan con ácido α-naftalenacéticos (ANA) al 0.3% durante 60 minutos. Posteriormente las estacas son sembradas en un sustrato de arena de mina, bajo condiciones de invernadero con poli sombra, con una temperatura promedio de 22°C, humedad relativa de 76% y riego realizado de la siguiente manera: en las primeras 8 semanas se realizan dos riegos diarios, el primero a las 7 a y el segundo a las 5 pm con un volumen de ½ litros de agua, por cada unidad

experimental; a partir de la novena semana se reduce el volumen de agua a la mitad buscando fortaleces las raíces de las estacas.

Vásquez *et al.* (2006) evaluaron el efecto del sustrato, transporte y cicatrizante en el enraizamiento de estacas. Las estacas fueron tomadas en estado juvenil, de árboles con diámetros menores de 10 cm a 1,30 m de altura. Solo se obtuvo una estaca de 20 cm de cada rama, eliminando el ápice, para evitar la pudrición de los tejidos meristemáticos y se trataron con ácido α-naftalenacéticos (ANA) al 0,4%. Para este trabajo se usó una tecnología sencilla de propagadores de sub irrigación. Finalmente se concluyó que se obtiene un enraizamiento del 55% empleando cristales de hidrogel, como medio de transporte, sin utilizar cicatrizante, sembrando en un sustrato de suelo y con 45% de sombra.

1.1.4. Fenología y biología floral

Estudios realizados en la zona cafetera por Acero (1985), muestran que esta especie florece desde mediados de julio a diciembre y fructifica de finales de diciembre a mediados de abril. Sin embargo, Álvarez (2004) menciona que la floración se lleva a cabo en el mes de noviembre, la fructificación ocurre en febrero y la maduración de frutos se da en abril; además menciona que hay caída de follaje, antes de floración, perdiendo totalmente sus hojas por periodos (caducifolio) y renueva su follaje después de la fructificación.

En una región del departamento de Nariño ubicada a 1950 msnm, en las coordenadas 1°21´22,9´´ LN y 77°16´40,8´´ LO, Benavides y Lagos (2014), afirman que la formación de brotes florales se presenta entre los meses de marzo y abril, mientras que la floración inicia en mayo hasta junio, siendo una especie semiestacional. La maduración de los frutos se da entre los meses de agosto y septiembre y no ocurre uniformemente dentro del mismo árbol, observando en un mismo racimo diferentes grados de madurez. Determinaron además, que el ciclo reproductivo de esta especie dura aproximadamente 135 días. La apertura floral se da entre 12 y 15 días de aparición del botón floral y la formación de frutos comienza desde los 39 hasta los 111 días, momento en el cual, el fruto alcanza la madurez fisiológica.

1.1.5. Usos e importancia

Osorio (2007) menciona que en el proceso de beneficio de la panela, la clarificación de los jugos se hace mediante la floculación de impurezas que se encuentran en suspensión, por el efecto combinado de temperatura, tiempo y acción de los agentes clarificarte (mucilagos vegetales). Los mucilagos son sustancias viscosas extraídas de los tallos, hojas, frutos y raíces macerados de

algunas especies, que al entrar en contacto con el agua o el jugo de caña, más la acción del calor, eliminan los sólidos insolubles, sustancias coloidales y compuestos colorantes presentes en el jugo (Mosquera *et al*., 2007).

Tradicionalmente, *H. americanus* se emplea dentro del proceso de limpieza en la elaboración de panela. Específicamente se utiliza el mucilago obtenido de la corteza del tronco o ramas libres de hojas de este árbol (Prada, 2002).

Ortiz (2005), encontró que el 75% de los productores de panela del municipio de Samaniego (Nariño), extraen corteza de árboles de cinco años de edad o con la primera floración. Además, el 100% de los productores, aseguran que *H. americanus* es una especie multiuso, siendo el principal, el uso la corteza como materia prima para la limpieza del jugo de caña. Mientras que el 30% indica que se puede utilizar como leña a pesar de sus bajas características como combustible (bajo poder calórico), el 10% de los usuarios lo utilizan como madera siendo esta liviana y de una densidad baja (0,13 g / cm^3), utilizado en la fabricación de cajones, formaletas, cajas para tomate y cielo raso entre otros, recomiendan evitar el contacto directo con el agua o alta humedad, porque es muy susceptible a la pudrición.

Acero (1985) complementa la información al destacar la utilidad de *H. americanus* en la fabricación de artesanías, en aeromodelismo, empaques y formaletas; agrega también que es una especie de rápido crecimiento muy utilizado en la protección de cuencas y fuentes de agua.

Algunos pequeños ganaderos del Municipio de San Lorenzo, Departamento de Nariño han observado alto grado de aceptabilidad de su forraje por rumiantes, sin demostrar efectos adversos sobre los animales (Aroca y Montilla, 2006). A pesar de esta información, no se puede afirmar que la especie, sea forrajera, pues para calificarlo de esta manera Benavides (1998) asevera que debe reunir ventajas en términos nutricionales, de producción y de versatilidad agronómica sobre otros forrajes tradicionalmente utilizados, es decir, el consumo por parte de los animales debe ser adecuado, con un contenido nutricional atractivo para la producción pecuaria, debe ser tolerante a la poda y debe tener un rebrote vigoroso.

Prada (2002) menciona que: “en Cundinamarca y en pocos trapiches de la Hoya del Río Suárez el material aglutinante es producido en las misma finca, mientras en la mayoría de los trapiches, este material es comprado o cambiado por miel en el mercado. Se conoció por comentario de los productores, la existencia de un nuevo tipo de comerciante que compra el árbol y lo desoja de toda su corteza trayendo como consecuencia la muerte del árbol”.

La importancia de este recurso radica en el uso que se le da en la producción de panela. Colombia es el primer productor, con un volumen que representa cerca del 17% de la producción mundial registrada por la FAO (2012), siendo el departamento de Santander el de más altos rendimientos por hectárea con 13,1 t/ha; Nariño ocupa el tercer lugar con 9,6 t/ha. (MADR, 2013). Además, los árboles de *H. americanus* tardan siete u ocho meses para cicatrizar cuando se corta por primera vez su corteza. Esta especie se encuentra en ambientes silvestres y no hay conocimiento de ningún cultivo ni manejo agronómico para su explotación. La literatura e investigación reportada sobre esta especie es muy escasa (Aroca y Montilla, 2006).

Es por lo anterior, que se entiende el motivo de la sobre explotación de este recurso y la importancia de iniciar trabajos de investigación dirigidos al uso racional de la especie, tal como, la identificación genotipos superiores en producción de mucilago, forraje y madera.

1.2. Modelos de distribución de especies

La información disponible para realizar iniciativas de conservación en sitios degradados, o en aquellos compuestos por especies raras o escasamente estudiadas, muchas veces puede estar constituida por antecedentes incompletos (Morales, 2012).

Esta dificultad para obtener información del sitio puede ser particularmente relevante cuando se intenta trabajar con especies o ecosistemas circunscritos a pequeños fragmentos inmersos dentro de una matriz alterada por el ser humano (Pearson, 2007).

La falta de información limita la capacidad para generar programas a gran escala, y como consecuencia las iniciativas propuestas en muchos casos tienen un éxito limitado. Por ende un tema relevante en esta materia, es poder predecir cuáles especies o grupos de especies podrían obtener mejores resultados para ser utilizadas en proyectos de conservación para sitios específicos (Morales, 2012).

Para sobrepasar estas barreras de información los modelos de distribución de especies pueden actuar como una valiosa herramienta para determinar la distribución de especies poco estudiadas o con información limitada, y pueden ser de gran ayuda en la generación de información biológica base no disponible. Los modelos de distribución de especies son una herramienta empírica, robusta, repetible y fácil de utilizar, que pueden ayudar a identificar potenciales zonas a conservar y/o restaurar (Philips y Dunik, 2008; Phillips *et al*., 2006,).

Según Hernández *et al*. (2008), su valor en conservación está basado en que 1) indica potenciales sitios donde apuntar en el caso de necesitar hacer

exploraciones directas, 2) entrega lineamientos para determinar el comportamiento de las especies frente a alteraciones exógenas, principalmente antrópicas y 3) entrega información sobre sitios a conservar.

Hoy en día existen aproximadamente 16 modelos de este tipo que utilizan distintos métodos, y datos para desarrollar las predicciones (Elith *et al*., 2006). Dentro de estos modelos se encuentra el programa (software) Maxent (http://www.cs.princeton.edu/~schapire/maxent), un programa multiuso basado en una aproximación estadística llamada máxima entropía que permite hacer predicciones utilizando información incompleta, en este caso datos de presencia u ocurrencia de la distribución potencial de una especie (Philips *et al*., 2006; Philips y Dudík, 2008).

A pesar de que existe un amplia gama de modelos similares, Maxent posee tres ventajas por sobre los demás: Primero, se requiere solo datos de presencia, versus otros modelos que requieren datos de presencia y ausencia; segundo, su consistente buen desempeño en comparación con otros 16 métodos similares (Elith *et al*., 2006), especialmente con un número pequeño de muestras (Elith *et al*., 2006; Phillips *et al*., 2006; Hernández *et al*., 2008); y tercero, su disponibilidad gratuita.

1.2.1. Aplicaciones de modelos de distribución de especies utilizando el programa Maxent

Un modelo de distribución de especies es básicamente una caracterización de las condiciones ambientales adecuadas para estas especies, que ayuda identificar donde están espacialmente ubicados los sitios que cumplen con los requisitos adecuados para las especies en estudio (Pearson, 2007). Esto hace que este método pueda ser utilizado en diversas áreas dentro de una amplia gama de problemáticas.

Dentro de las diversas aplicaciones de Maxent que se pueden nombrar se encuentran la priorización de zonas para iniciativas de conservación biológica y restauración ecológica, modelaciones de efectos del cambio climático sobre los ecosistemas, y la evaluación de patrones de propagación de especies invasivas (Phillips *et al*., 2006).

Para el caso de conservación y restauración ecológica, el uso de esta aplicación combinada con herramientas SIG ayuda en la generación de mapas de distribución actual y potencial de especies nativas, lo que resulta fundamental tanto para evaluar el estado de conservación de las especies, como para evaluar potenciales sitios para desarrollar iniciativas de conservación y restauración (Philips *et al*., 2006; Philips y Dudík, 2008).

En Chile, Ziska *et al*. (2009) utilizaron Maxent para determinar las áreas de distribución y centros de diversidad de 27 especies de plantas monocotiledóneas, pertenecientes a la familia de las bromeliáceas, de la cuales 20 son endémicas de este país. El objetivo principal fue utilizar esta información para determinar el estado de conservación de estas especies. Gracias a la información generada utilizando Maxent los autores pudieron reclasificar las especies.

Para analizar los efectos del cambio climático, Maxent permite determinar o predecir cómo variaría la distribución de una especie o un grupo de especies frente a cambios ambientales de temperatura, humedad, entre otros. Por ejemplo, se podría evaluar cómo se vería afectada la producción frutal al ver restringida su área de distribución, o al contrario al expandirse su potencial distribución a causa de un aumento de la temperatura atmosférica (Morales, 2012).

También puede resultar útil en determinar la distribución futura de plagas y como ésta podría extender su impacto a zonas no atacadas actualmente bajo cambios ambientales específicos. El cambio climático no solo puede afectar a las actividades económicas o de conservación de especies, sino que también a la salud humana (Morales, 2012). Maxent ha sido utilizado en los estudios de distribución de enfermedades tropicales como la leishmaniasis, frente a potenciales cambios en el clima (Gonzáles *et al.*, 2010).

1.3. Recursos fitogenéticos

1.3.1. Definición

Desde la aparición de la vida en la tierra, el proceso evolutivo ha originado especies e individuos que mediante los procesos de selección permanente, realizados por el hombre y la naturaleza, se han adaptado a diferentes condiciones del globo. La variabilidad genética de las especies se presenta como respuesta a la interacción con diferentes ambientes, lo cual afecta la variación de nucleótidos dentro del genoma, provocando cambios en las proteínas (Sanabria *et al.,* 2006). Esta variabilidad genética resulta esencial para el equilibrio del sistema y constituye el germoplasma (Martín, 2000); entendiendo como germoplasma toda célula, tejido u órgano capaz de producir una nuevo individuo (Chávez, 2004).

Por otro lado, Hammer *et al.* (2003) consideran que la diversidad biológica es el resultado de adaptaciones evolutivas a condiciones cambiantes y su pérdida es un proceso irreversible que supone una grave amenaza para la estabilidad de los ecosistemas, la agrícola y en la alimentación del mundo.

Borojevic (1990) indica que la diversidad bilógica provee los genes, que debidamente utilizados y combinados por técnicas de fitomejoramiento pueden formar variedades nuevas.

Según el Tratado internacional sobre los recursos fitogenéticos para la alimentación y la agricultura, define a los recursos fitogenéticos como cualquier material genético de origen vegetal de valor real o potencial para la alimentación y la agricultura (FAO, 2009).

De acuerdo con lo anterior, se puede afirmar que los recursos fitogenéticos, son iguales a la diversidad genética del mundo vegetal, y es lo que provee genes portadores de información deseada por la humanidad, y por lo tanto, constituyen un recurso de valor económico igual al de los recursos energéticos, mineros y forestales; constituyendo la base para realizar trabajos de mejoramiento orientados a obtener variedades o híbridos que permitan adquirir mayores beneficios. Históricamente, la diversidad genética vegetal ha sido, es y será la base fundamental en la que se sustenta el proceso de producción agrícola y el mejoramiento en el mundo (Bernal y Correa, 2000).

1.3.2. Principios sobre explotación de recursos fitogeneticos

El mejoramiento genético, inicio con la aparición de la agricultura hace unos 10.000 años, cuando el hombre empezó a intervenir en la evolución natural de las plantas cultivadas, dando lugar a la “domesticación” y por ende la “selección vegetal”. Dentro de este proceso, la semilla aumento sus propiedades útiles por ser la base para los procesos de producción; el resultado ha sido el desarrollo y la conservación de las variedades tradicionales de semillas (landraces), que hoy en día son consideradas una herencia común de la humanidad (Cataife, 2002).

Sin embargo, Lobo (2008) menciona que la biodiversidad, es un elemento con valor estratégico para la inserción dentro del nuevo orden mundial, la cual incluye aspectos como: el desarrollo generalizado de conciencia, alrededor de la preservación del medio ambiente y la biodiversidad, lo que condujo a la formulación del Convenio sobre Diversidad Biológica; el reconocimiento de la soberanía de los países sobre su biodiversidad, en contraposición con el paradigma existente de que: “los recursos genéticos eran patrimonio de la humanidad” (Hammer *et al.*, 2003).

El desarrollo de derechos de propiedad intelectual, incluyendo patentes y derechos de obtentor sobre las variedades vegetales (Sanders, 2010) y patentes sobre componentes y productos derivados de la biodiversidad (Hamilton, 2006) y la globalización que tiene efectos en la agricultura, el modo de vida, el uso de los recursos y la conservación ambiental (Kydd, 2002), implica una producción agropecuaria eficiente y competitiva (Pingali, 2006). Por lo tanto, dichos recursos y

su conservación están tomando un valor económico, constituyendo una riqueza potencial para los países que la posen ya que de éstos depende el sostenimiento de la producción agropecuaria y forestal del mundo.

A pesar de la importancia de dichos recursos, en la actualidad las especies vegetales sufren procesos de erosión genética, a tal punto que se tienen especies extinguidas. En cuanto a erosión genética, es un término acuñado por los científicos para designar la pérdida de genes individuales y/o combinados. La causa principal de la erosión genética, de acuerdo con el Tratado de los Recursos Fitogenéticos para la Alimentación y la Agricultura en el mundo (FAO, 2010), es la sustitución de las variedades locales por variedades modernas. Chacón *et al.* (2011) confirma, que entre 60.000 y 100.000 especies vegetales están amenazadas debido a una

Otras causas de la erosión genética es el exceso de recolección, el surgimiento de nuevas plagas, malas hierbas y enfermedades, el deterioro ambiental, la práctica insostenible de la agricultura y la silvicultura, la urbanización y el desbrozo de tierras, mediante la deforestación, los incendios, la contaminación, los cambios de uso del suelo, la introducción de especies exóticas invasoras y el cambio climático (FAO, 2007; Chacón *et al.,* 2011).

Esta grave situación demuestra la importancia de realizar investigaciones para la generación de tecnologías en el manejo sustentable de los recursos forestales y agrícolas. Además, se debe considerar el valor biológico de la zona tropical, aspecto sobre el cual Lobo *et al.* (2010) afirman: “Colombia es una de las cinco naciones megadiversas del mundo. Con una superficie continental de 114,27 millones de hectáreas, alberga aproximadamente el 10% de las especies vegetales y animales conocidas; contiene la mayor diversidad genética en el mundo, que se expresa en el gran número de plantas vasculares por unidad de área.

Es aquí donde se hace relevante el uso equilibrado de los componentes biológicos de árboles y arbustos en los sistemas agropecuarios, que permita alcanzar la sostenibilidad; soportado en el concepto de que la diversidad genética forestal aporta la base para la evolución de las especies y para sus adaptaciones a los cambios (FAO, 2014).

La ordenación forestal sostenible exige una mejor comprensión de los rasgos específicos de los árboles y de su diversidad genética; debido a que una misma especie puede presentarse en amplias condiciones ecológicas (Magurran y McGill, 2011). Así mismo, las especies forestales han evolucionado bajo diferentes períodos del cambio climático; su variabilidad genética proporciona la capacidad para adaptarse a nuevas condiciones climáticas (IPCC, 2014).

Para esto se requerirán prácticas que mantengan la diversidad genética a largo plazo, teniendo en cuenta la posible necesidad de acelerar la adaptación al cambio climático mediante el mejoramiento y la gestión proactiva de los recursos genéticos (FAO, 2010).

1.3.3. Conservación y utilización de los recursos fitogenéticos

El objetivo de la conservación, es almacenar recursos genéticos de especies elegidas, así como, la ordenación científica de las especies identificadas como prioritarias (Thomson *et al.,* 2002). La selección de las especies consideradas en cada programa obedece al interés comercial e industrial que representan y al alto potencial productivo que se les reconoce (Gutiérrez, 2003).

Al respecto, el concepto de conservación pasó, de una idea netamente proteccionista, a la de conservar mediante el uso racional, es decir, lograr su conservación manteniendo los procesos ecológicos esenciales y aprovechando en forma sostenida las especies y sus ecosistemas. Este margen de uso de los recursos naturales renovables se conoce como zona de máximo rendimiento sustentable o de máxima capacidad de explotación (Martínez, 1998).

Según la FAO (2007), la conservación de los recursos fitogenéticos siempre deben hacerse dentro de un contexto de cooperación nacional e internacional. Sin lugar a duda, el tema de acceso a los recursos genéticos continúa siendo importante en la escena política internacional y nacional. Los esfuerzos de los países por regular, controlar y beneficiarse de manera equitativa de los recursos genéticos han dado lugar a una serie de políticas e instrumentos jurídicos sobre esta materia (Ruiz, 2003).

En resumen este tipo de principios se basan en la idea de que, si bien los recursos genéticos se están perdiendo, existen programas de recuperación en los que sus principales actividades son la colecta, conservación, multiplicación, intercambio y evaluación del germoplasma para su utilización en mejoramiento genético (Moreno *et al*., 2011).

La conservación en sí, no se limita a la consecución y posesión física de los materiales (recolección y almacenamiento) sino que requiere asegurar la existencia de éstos en el tiempo con sus características genéticas originales (Baena *et al.,* 2003).

Antes de definir el método de conservación, es importante recordar, que existe una gran cantidad de especies vegetales, y por lo mismo, distintos sistemas de reproducción que estarían indicando cual sería el método más eficiente, según las características de la especie y su estructura poblacional (Seguel *et al*., 2001).

1.3.4. Métodos de conservación de especies vegetales

Dentro de este ámbito se diferencian dos métodos: conservación in situ y ex situ. La conservación de los recursos genéticos en su ambiente natural o in situ, tiende a minimizar la perdida de las variedades locales y promover las actividades en el medio rural (Ferreira y Campa, 2006). Esta implica, que una población determinada se mantiene dentro de su comunidad, en el ambiente en que se ha desarrollado o dentro de poblaciones silvestres que se regeneran naturalmente en áreas protegidas (Hidalgo*,* 2013). Tienen la ventaja de conservar la función de un ecosistema y una serie de especies animales y vegetales asociadas (Thomson *et al*., 2002; Baena *et al*., 2003).

Otra estrategia, es la de constituir colecciones de germoplasma fuera de su hábitat natural y mantenerlas en bancos de semillas, bancos genéticos in vitro, bancos de genes, colecciones de campo y jardines botánicos, este método se denomina conservación ex situ (Ferreira y Campa, 2006); y surge como una medida complementaria a los mecanismos de conservación in situ, orientados principalmente a resguardar el material genético de las especies de importancia para el mejoramiento genético, la industria alimenticia, farmacéutica, maderera, entre otros, permitiendo la conservación de especies vulnerables a procesos de erosión genética (Martínez, 1998).

Una alternativa de conservación ex situ es la utilización de las técnicas de cultivo de tejidos vegetales. Esta técnica constituye un método de propagación alternativo a los convencionales, con ventajas como la mayor tasa de productividad, el stock mínimo requerido como material de partida, elimina el efecto de las estaciones del año, es factible obtener plantas libres de enfermedades; en algunos casos, los tiempos de propagación son más cortos y la posibilidad de propagar especies que son difíciles o imposibles de propagar in vivo (Serna, 1999). En Colombia se han realizado pocos trabajos al respecto, pero ya hay protocolos que sirven de modelos para futuros estudios, especialmente de plantas autóctonas, obteniendo altos promedios de supervivencia en muchas plantas leñosas (maderables y frutales) (Ramos, 2014)

Otra alternativa de las opciones de conservación ex-situ, corresponde a la crioconservación. La cual permite conservar material vegetal vivo a una temperatura próxima a -196 ° C. Esta técnica presenta una serie de ventajas sobre otros métodos, como la conservación de semillas mediante procedimientos tradicionales o la In vitro. El principal beneficio es el hecho de que el metabolismo se pare por completo, debido a las temperaturas, evitando deterioro del material conservado (González, 2000; Bacchetta *et al.*, 2008). Esta técnica ha permitido implementar protocolos de conservación de especies perennes como Cedro (*Cedrela odorata* L) (García, 2013), Caoba (*Switenia macrophylla*) (Michelle, 2014), cítricos (Duran *et al.*, 2005), entre otras.

1.3.5. Evaluación y caracterización del germoplasma

Uno de los principios de la colección y conservación de especies es mantener individuos diferentes y lograr la máxima variabilidad posible; motivo por el cual, antes de conservar se debe determinar la variabilidad genética y morfológica (González, 2011). La identidad genética que tienen los seres vivos para definirlos como únicos se basa en la diversidad entre poblaciones y entre especies. Dicha diversidad, expresa respuestas diferenciales en proporción a su heterogeneidad genética (Landa *et al*., 2008).

Para lograr identificar dichas diferencias entre los individuos, se puede usar métodos estadísticos que agrupan individuos con características similares, ya sean por caracteres cualitativos o cuantitativos (Escobar, 2008). Los métodos multivariados permiten hacer agrupaciones o clúster con base en datos obtenidos en caracterización morfológica o molecular (Núñez y Escobedo, 2011).

Por otra parte, la evaluación comprende la descripción de la variación existente en una colección para atributos de importancia agronómica con alta influencia del ambiente y de heredabilidad intermedia, tales como rendimiento. El objetivo principal de la caracterización es la identificación de las accesiones, mientras que el de la evaluación es conocer el valor agronómico de los materiales (Abadie y Berreta, 2001; Rincón y Gutiérrez, 2008).

Es por ello, que la caracterización y evaluación de los recursos fitogenéticos constituye una actividad esencial dentro de los trabajos de mejoramiento, ya que permiten conocer y mantener la estructura y nivel de variabilidad genética existente entre las distintas introducciones de una especie (Morillo *et al.,* 2011) y viabilizar la incorporación de recursos genéticos en diferentes pooles genéticos dentro del germoplasma base elite de los programas de mejoramiento (Pritsch, 2001).

El mejoramiento genético convencional se base en la existencia de variabilidad genética para los caracteres que se desea mejorar y la manipulación de la misma mediante la reproducción sexual (Díaz *et al.,* 2010). De ahí la importancia que exista variabilidad dentro de una misma especie, que permita transferir genes mediante cruzamientos. Sin embargo debido al uso inadecuado de los recursos fitogeneticos esta alternativa se torna más difícil, surgiendo la necesidad de incluir dentro de los nuevos métodos de mejoramiento genético la transformación del germoplasma o ingeniería genética (Posso *et al*., 2011).

1.3. Descriptores

1.3.1. Definición

Para llevar a cabo una caracterización o una evaluación de la variabilidad genética se utilizan descriptores, los cuales son variables, con diferentes estados o caracteres considerados importantes y útiles (Enríquez, 1991). Un descriptor es una característica o atributo cuya expresión es fácil de medir, registrar o evaluar y que hace referencia a la forma, estructura o comportamiento de una accesión o introducción (García, 2010).

En los trabajos con recursos genéticos el "descriptor" define una característica o un atributo que se observa en las accesiones y están codificados en los denominados "estados de un descriptor"; estos son los diferentes valores que puede asumir, pudiendo ser un valor numérico, una escala, un código o un adjetivo calificativo, por ejemplo, colores del fruto o forma de hojas (Pritsch, 2001).

Los descriptores de una especie se seleccionan con base en características cualitativas y cuantitativas, conociendo previamente la variabilidad de los caracteres dentro y entre plantas, y pueden variar según sean seleccionados por fitomejoradores, botánicos, genetistas o expertos de otras disciplinas (Enríquez, 1991). Es pertinente tener en cuenta los criterios botánicos, ya que eligen caracteres morfológicos independientemente de su regulación genética, y los genetistas, porque eligen caracteres cualitativos y monogénicos (Cherla, 2008).

Engels (1995) afirma que los descriptores deseables corresponden a características de alta heredabilidad determinado por pocos genes, alto valor taxonómico, baja complejidad y de una variación pequeña dentro de las muestras.

Los descriptores para la caracterización deben reunir las siguientes condiciones: ser fácilmente observables, tener una alta acción discriminante y baja influencia ambiental (Abadie y Berreta, 2001). Los principales tipos de datos de caracterización son: características de plantas, hojas, flores, frutos, semillas y partes subterráneas (Furman *et al.,* 1997).

1.3.1.1. Descriptores del sitio y del medio ambiente

Describen los parámetros específicos del sitio y del medio ambiente que son importantes para la interpretación de los resultados (Cherla, 2008).

1.3.1.2. Descriptores de caracterización

Permiten una discriminación fácil y rápida entre fenotipos. Generalmente, son caracteres altamente heredables, pueden ser detectados a simple vista y se expresan igual en todos los ambientes. Pueden incluir caracteres adicionales considerados deseables por consenso de los usuarios de la especie (Cherla, 2008).

1.3.1.3. Descriptores de evaluación

La expresión los descriptores de esta categoría depende del ambiente y requiere métodos experimentales especiales para evaluarlos. Su evaluación puede involucrar métodos complejos de caracterización molecular o bioquímica. Esta categoría incluye caracteres como rendimiento, productividad agronómica, susceptibilidad al estrés y caracteres bioquímicos y citológicos; estos constituyen las características más interesantes en la mejora de cultivos (Cherla, 2008).

1.4. Caracterización molecular

En los últimos años, el uso de marcadores moleculares han demostrado ser útiles para estudiar la diversidad genética de especies, encontrando relaciones taxonómicas muy exactas, además de informar acerca de la historia del flujo de genes, ya que al caracterizar una especie se está estimando la variabilidad existente en el genoma vegetal de la población o de los individuos que la conforman, así toda la información codificada por los genes establece su identidad morfológica (Franco e Hidalgo, 2003).

Salinas *et al.* (2011) mencionan que mediante la caracterización molecular se ha logrado conocer la situación de la *Jatropha curcas*, diversidad y potencial genético de las poblaciones existentes. Así mismo, se podrán identificar a nivel molecular las variedades que presentan características importantes para la industria. Al respecto Rueda *et al.* (2006) confirman, en su trabajo de caracterización molecular de guayaba, que una caracterización tanto agromorfologica como molecular, complementada con evaluación y análisis de información existente sobre alguna característica de calidad, facilita la selección de material élite para evaluaciones en otros ambientes agroecológicos.

1.4.1. Marcadores moleculares

Inicialmente, las únicas diferencias observables entre individuos eran rasgos fenotípicos, pero la variación genética correspondiente a estas diferencias puede estar controlada por varios genes, interacción entre ellos o influencia por el ambiente. Los marcadores moleculares permiten estudiar directamente el material genético, pero normalmente se trata de rasgos sin reflejo en el fenotipo (Graham y McNicol, 1995).

El desarrollo de la biología molecular, ha permitido obtener mejores estimaciones de la diversidad genética de una población, debido a que el factor de error generado por el ambiente no existe, ya que la información está tomada directamente del genoma de las plantas (Rotondi *et al.,* 2003). Además, se reconocen las diferencias genéticas entre individuos, al obtener un perfil molecular o "fingerprinting" característico para cada variedad e independiente de las condiciones de crecimiento de las plantas. Una ventaja adicional es la posibilidad de analizar locí únicos (regiones únicas del genoma) o locí múltiples (regiones repetidas a través del genoma) (Ferreira y Grattapaglia, 1998).

Existen técnicas que ofrecen diferentes tipos de información según las características de la molécula o fragmento analizado, donde lo más común es detectar diferencias de tamaño (Díaz *et al.*, 2010). A partir de las frecuencias con que aparecen cada una de las variantes (alelos) se estima diferentes parámetros que dan la medida de la diversidad y permiten comparar entre las especies o diferentes jerarquías taxonómicas (Ferreira y Grattapaglia 1998).

1.4.2. Marcadores RAMs (Random Amplified Microsatellites)

Entre los diferentes marcadores moleculares conocidos, los RAMs (Random Amplified Microsatellites) (Zietkiewicz *et al*., 1994) son muy útiles para medir la diversidad genética en plantas y animales (Bonilla *et al*., 2008; Muñoz *et al*., 2008). Esta técnica combina los beneficios de los análisis microsatélites con el universal análisis de RAPD. Los RAMs se basan en la reacción en cadena de la polimerasa (PCR) y permiten la detección de polimorfismos en el ADN intra e interespecífico (Muñoz *et al.,* 2008).

Los fragmentos de ADN amplificados en la reacción están compuestos de dos microsatélites lo suficientemente cerca para que el área entre ellos pueda ser amplificada por PCR (Zietkiewicz *et al*., 1994). Como el rango evolutivo entre los microsatélites es considerablemente más alto que en la mayoría de los otros tipos de ADN hay mayor probabilidad de hallar polimorfismo mediante los RAMs que por otras técnicas incluyendo los RAPD. Otras de las ventajas de esta técnica es que no requiere una estimación exacta de la cantidad del ADN antes de la

reacción, la cual es útil cuando grandes tamaños de muestra son analizados para una población en estudio, esta metodología es factible para pequeños laboratorios en términos de equipos, y facilidades de costo, no requiere el conocimiento previo de secuencias, ni el uso de isótopos radioactivos (Hantula *et al.,* 1996).

Los RAMs han sido utilizados para el estudio de cuatro especies de Myrothecium (Douglas *et al.,* 1999), en guayaba *Psidium sp*. (Sanabria *et al*., 2006), uchuva *Physallis peruviana* (Bonilla *et al*., 2008; Morillo *et al*, 2011), Nacedero *Trichanthera gigantea* (Posso *et al*., 2011), mora *Rubus sp*. (Morillo *et al*., 2005), Yacon *Smallanthus sonchifolius* (Polaco, 2011). Se han usado en la diferenciación de especies del mismo género (Bonilla *et al.,* 2008) y entradas dentro de la misma especie (Morillo *et al.,* 2005). Por ser de fácil implementación, reproducibles y de bajo costo, se propone como marcadores ideales para estudios iniciales de caracterización molecular y evaluación de la diversidad genética no adaptativa.

1.5. Caracterización morfológica

La caracterización morfológica, consiste en registrar y describir sistemáticamente las accesiones de la misma especies con base en características cualitativas y cuantitativas altamente heredables (Jaramillo y Baena, 2000). La descripción morfológica permite conocer al germoplasma y determinar su utilidad potencial (Gálvez *et al.,* 2007). Además, este tipo de estudios son útiles para identificar en el medio natural, los diferentes estadios de crecimiento de las plantas y su interacción y adaptación con el ambiente, lo cual tiene valor genotípico para el hombre (Zevallos y Flores, 2003; Querol, 1988).

Mediante esta metodología se ha logrado identificar los caracteres de mayor aporte a la variabilidad de especies como *Physalis peruviana* (Morillo *et al*., 2011) y *Arachis pintoi* (Ayres y Quesemberry, 2009). También han permitido establecer factores que explican la variabilidad en algunas colecciones de Chilacuan (*Vasconcellea cundinamercensis*) (Muñoz y Portilla, 2005) y en genotipos silvestres y cultivados de mora (*Rubus* spp.) (Moreno *et al*., 2011).

2. METODOLOGÍA

2.1. Localización

Este trabajo se realizó en dos fases llevadas a cabo durante los semestres A y B de 2013 y A del 2014. La primera corresponde a la fase de campo en la que se estableció la distribución geográfica y la caracterización morfológica de la especie. Mientras que la segunda hace referencia a la fase de laboratorio donde se efectuó la caracterización molecular, la cual fue ejecutada en el laboratorio de Biología Molecular de la Faculta de Ciencias Agrícolas, ubicado en la Ciudad Universitaria Torobajo del municipio de Pasto a una altitud de 2540 msnm, 01°12´13´´LN y 77°15´23´´LO.

En la Tabla 1, aparece información geográfica de los municipios del departamento de Nariño, muestreados para establecer la distribución geográfica y realizar la caracterización morfológica de *H. americanus*. Dichos municipios son: Ancuya, Arboleda, Consacá, Chachagui, Guachavez, El Tambo, La Florida, La Unión, Linares, Mallama, Ricaurte, Samaniego, San Pedro de Cartago, Sandoná y Yacuanquer; y se encuentran localizados entre las coordenadas 01°09’ 15.2’’a 1°36´18.56”LN, 77°00´18.8” a 77°39´40.1"LO y entre 1204 a 1514 msnm.

2.2. Distribución geográfica de *H. americanus* en la zona Andina del departamento de Nariño

Para identificar la distribución geográfica de la especie, se realizaron recorridos dentro de los quince municipios mencionados, visitando lugares sugeridos por la población y productores de panela de la región. Se confronto en campo la presencia o ausencia de formas cultivadas o espontaneas de Balso blanco.

De acuerdo con la metodología propuesta por Anderson *et al.* (2003), cada sitio donde se encontraba un árbol o varios de ellos, se georreferenció con el GPS Etrex 30 Garmin, con datum wsg_1984 y se registró la información relacionada con: municipio, vereda, latitud, longitud, altitud, forma de propagación y fuente de crecimiento.

La información obtenida se organizó en una base de datos en Excel y mediante la metodología de Scheldeman y Zonneveld (2011) se realizó el análisis espacial de riqueza de la especie por área administrativa o municipio, empleando como unidad

de riqueza el número de sitios donde se encontró y se visualizó su distribución actual utilizando ArcGis 10.

Tabla 1. Información geográfica de los municipios muestreados para la distribución geográfica y caracterización in-situ de Balso blanco (*Heliocarpus americanus* Watss.) en la región Andina del departamento de Nariño.

Municipio	Rango Altitudinal (msnm)	Rango Latitudinal (LN)	Rango Longitudinal (LO)
Sandoná	1483-2338	1°15´47.9¨-1°19´45.3"	77°25’10.2’’-77°29´19.6”
Ancuya	1398-2189	1°12´16.6”-1°18´11.0”	77°30´56.2"-77°32´29.3"
Consacá	1599-1904	1°14´57.6¨-1°10’05.1’’	77°27’04.7’’-77°29’20.6’’
Linares	1452-2259	1°18´51.6”-1°24´28.6"	77°31´09.6”-77°35´15.4"
Samaniego	1519-2220	1°17´39.6"-1°22´59.5"	77°35´02.6"-77°37´05.4"
El Tambo	1740-2509	1°25’51.4¨-1°22´23.1"	77°20´24.4¨-77°27´47.9¨
La Florida	1866-2288	1°17’33.8´´-1°24´00.0"	77°18´46.2"-77°24´23.7"
Chachagui	2001-2228	1°19´03.8"-1°22´01.1"	77°14´27.2"-77°16´45.7"
La Unión	1696-1866	1°35´23,4”-1°36´18.56”	77°07´55,1”-77°08´01.09”
Cartago	2036-2514	1°32´01,5”-1°34´27,8”	77°05´42,9”-77°07´38,3”
Arboleda	1872-2335	1°28´39,4”-1°30´47,8”	77°05´27,4”-77°06´07,5”
Guachavez	1683-2049	1°13´28.0" -1°17´14.7"	77°37´05.8"-77°39´40.1"
Ricaurte	1204-1346	1°10´9.0”-1°12´57.2”	77°57´46.7”-77°00´18.8”
Mallama	1283-1551	1°10´21.8”-1°11´43.3”	77°54´56.5”-77°58´7.6”
Yacuanquer	2022-2150	01°09’ 15.2’’a 1º10´23,5”	77°26’42.0’’-77º27´15,2”

Los datos de georreferenciación se exportaron en formato CSV, para ser relacionados con variables bioclimáticas obtenidas de BioClim (Hijmans *et al.*, 2005) en el programa MaxEnt 3,3,3k (Phillips *et al*., 2006).

El software BIOCLIM (Nix, 1986) facilita la información de los parámetros bioclimáticos, derivados de la temperatura mensual, valores de precipitación y de elevación de Sudamérica (Hijmans *et al.*, 2005), con el fin de generar las variables más significativas para la distribución de especies vegetales (Tabla 2). Este programa utiliza un algoritmo para predecir la distribución potencial de las especies, el cual se basa en los intervalos de los valores obtenidos para cada cobertura ecológica electrónica con base en los observados, que se obtienen a partir de los puntos de recolecta conocidos del taxón bajo estudio. El método considera a cada variable como independiente, de tal manera que ignora las correlaciones entre variables (Navarro *et al*., 2003); sin embargo BIOCLIM representa una opción importante en el desarrollo tecnológico y conceptual del

modelaje bioclimático, como se ha demostrado recientemente (Téllez y Dávila, 2003).

Tabla 2. Parámetros utilizados por el programa BIOCLIM para generar los mapas de distribución potencial de Balso blanco (*Heliocarpus americanus* Watss.) en la región Andina del departamento de Nariño.

Variables	Descripción de la variable
BIO1	Temperatura promedio anual (ºC)
BIO2.	Temperatura media diurna (media mensual de maxtemp – mintemp) (ºC)
BIO4.	Temperatura (desviación estándar*100) (ºC)
BIO5.	Temperatura máxima del mes caliente (ºC)
BIO6.	Temperatura mínima del mes más frío (ºC)
BIO7.	Amplitud térmica anual (BIO5-BIO6) (ºC)
BIO8.	Temperatura media del trimestre más húmedo (ºC)
BIO9.	Temperatura media del trimestre más seco (ºC)
BIO10.	Temperatura media del trimestre más cálido (ºC)
BIO11.	Temperatura media del trimestre más frio (ºC)
BIO12.	Precipitación anual (mm)
BIO13.	Precipitación del mes más lluvioso (mm)
BIO14.	Precipitación del mes más seco (mm)
BIO16.	Precipitación del trimestre más húmedo (mm)
BIO17.	Precipitación del trimestre más seco (mm)
BIO18.	Precipitación del cuarto más cálido (mm)
BIO19.	Precipitación del trimestre más frío (mm)

Mientras que el programa MaxEnt 3,3,3k permite modelar por algoritmos la distribución potencial de la especie. En general, este algoritmo detecta las relaciones no aleatorias entre dos conjuntos de datos: los registros de georeferenciación de la presencia verdadera de la especie y el conjunto de coberturas tipo *raster* de datos digitales que representan las variables bioclimáticas potencialmente pertinentes para determinar la distribución de las especies (Pearson y Dawson, 2003).

Mediante la relación de los datos de georreferenciación y las variables bioclimáticas, MaxEnt al interior del programa se construye un modelo de distribución potencial, empleando el 75% de los registros como puntos de entrenamiento y el 25% como puntos de validación. Se utilizó un umbral de convergencia de 10^{-5} con 1000 iteraciones como límite superior. Para estimar la capacidad de predicción del modelo, se analizó el área bajo la curva (AUC), salida gráfica donde se observa la capacidad de discriminación de una presencia versus la capacidad de discriminación de una ausencia (Phillips y Dudik, 2008).

Se usó la prueba de Jackknife para calcular la contribución relativa de cada variable al modelo. Esta información, es de suma importancia para evidenciar los requerimientos ecológicos de cada especie, y que probablemente determinen el área de distribución potencial propia para la especie. Ambos análisis, el AUC y la prueba de Jackknife están implementados en MaxEnt.

Posteriormente, los archivos de modelación de máxima entropía son exportados a un SIG para ser examinados. El programa empleado fue Diva Gis Versión 7,5 (Robert *et al.*, 2009), el cual permite ver de forma gráfica el modelo de la distribución potencial de *H. americanus* en términos de probabilidad. Por lo tanto, se genera un mapa de consenso con los valores de píxel de 60 a 100 donde el color rojo representa las áreas que predicen la presencia de la especie en un 90 a 100%, mientras que las zonas donde no presentan ninguna coloración corresponden a áreas que predicen la ausencia de la especie.

Además, se realizó el Análisis de Componentes Principales (ACP), para determinar las relaciones entre la variación climática y la variación en la distribución geográfica de Balso blanco. Con base en el ACP, se agruparon las zonas climáticas empleando como criterio de clasificación el método de Ward. El procedimiento se hizo mediante la utilización del software Spad 3,5.

2.3. Caracterización morfológica

Con base en la revisión de herbarios, descripciones morfológicas de la especie encontradas en la literatura, consultas a especialistas de botánica, observaciones en campo y en la lista de los descriptores la familia Malvaceae (Cervantes, 1992) y del genero *Heliocarpus sp.* (Macía, 1999; Gual y Moreno, 2009) se construyó una lista de descriptores morfológicos cualitativos y cuantitativos para tronco, corteza, copa, hojas, flores, frutos y semillas de *H. americanus*, los cuales aparecen en el Anexo 1.

Los individuos caracterizados se escogieron de acuerdo con los siguientes criterios:

a) Arboles con diámetro a la altura de pecho de 27 a 52 cm, b) Que no superen los 10 metros de altura total, c) que disponga de flores y frutos durante la época de caracterización y d) El tamaño de muestra.

La determinación del tamaño de muestra en este estudio se realizó teniendo en cuenta la siguiente ecuación (Stiles, 2000):

$$n = \frac{Z^2 * p * q * N}{(N-1) * e^2 + Z^2 * p * q}$$

Donde:
$n = Tamaño\ de\ muestra$
$Z^2 = nivel\ de\ confianza$ (1,96)
$p = proporción\ esperada$ (0,5)
$q = 1 - p$
$N = Total\ de\ la\ población$ (283)
$e = Precisión$ (0,14)

El total de la población fue de 283 árboles, dado que estos fueron los únicos que cumplieron con los criterios anteriormente mencionados. De estos, se escogieron en forma estratificada 51 individuos al azar. Los estratos fueron los municipios y la contribución de cada uno de ellos en la muestra, se determinó con base en el porcentaje de participación de individuos en la población (Anexo 2). En el Anexo 3 se muestran los datos obtenidos de descriptores cuantitativos y cualitativos de los arboles seleccionados.

Los datos correspondientes a las variables cuantitativas con un coeficiente de variación superior a 25%, fueron sometidos a Análisis de Componentes Principales (ACP) y para establecer el grado de asociación entre las variables cuantitativas se utilizó un análisis de correlación de Pearson (Weisstein, 2011). Para las características cualitativas, que presentaron diferentes modalidades, se utilizó el método de Análisis de Correspondencias Múltiples (ACM). Y finalmente, tanto para el ACP y el ACM, se hizo una agrupación de tipo jerárquico, con base en los criterios de Ward (Morineau, 1998). Este análisis se realizó aplicando el paquete estadístico SPAD, versión 3,5.

2.4. Caracterización molecular

Para la extracción de ADN, se evaluaron cuatro metodologías, la descrita por Dellaporta *et al.* (1983) con algunas modificaciones (Anexo 4), Doyle y Doyle (1990) (Anexo 5) y Saghai-Marrof *et al*. (1984) (Anexo 6) y un kit comercial de extracción de ADN (GeneJET plant Genomic ADN ®) (Anexo 7).

Para los cuatro casos se tomaron aleatoriamente hojas jóvenes de 20 árboles, las cuales fueron transportadas dentro de envolturas de papel aluminio sumergidas en nitrógeno líquido hasta el laboratorio de Biología Molecular en la Universidad de Nariño. El tejido vegetal fue macerado utilizando morteros de porcelana y nitrógeno líquido hasta obtener un polvo fino y seco (Posso *et al*., 2011). Una vez macerado el tejido vegetal se almaceno en tubos plásticos cónicos de 15 ml a -20°C, hasta el momento de su utilización.

Con base en lo descrito por Posso *et al*. (2011) y Palacio (2005), para la evaluación de la cantidad y calidad de los ADN totales se utilizaron geles de agarosa al 0,9%de concentración con bromuro de etidio (0,5ng/ml). Se realizó electroforesis horizontal utilizando para la corrida tampón TBE 0,5X (Tris-borato y EDTA) y en cada pozo del gel se sembró 2 µl de ADN más 2 µl de azul de bromofenol. La electroforesis horizontal se realizó con el equipo Enduro Power Supplies a una carga de 80 voltios durante 30 minutos. La concentración de ADN de cada muestra se estimó mediante comparación visual con concentraciones de 10, 25, 50 ng/µl de ADN del bacteriófago Lamdba. El ADN cuantificado se diluyo en agua tipo HPCL hasta 10 ng/µl, y se almaceno a -20°C. La calidad se evaluó con base en la nitidez de la banda formada sin presencia de barridos, en una escala de 1 a 3, siendo 1= buena, 2=mediana y 3=baja.

Para el análisis RAMs se utilizó siete cebadores, sintetizados por Gentech Col., (Tabla 3), los cuales has sido útiles en evaluaciones de la diversidad genética de especies como uchuva *Physallis peruviana* (Bonilla *et al*., 2008 y Morillo *et al.*, 2011), guayaba *Psidium sp*. (Sanabria *et al*., 2006), Nacedero *Trichanthera*

gigantea (Posso *et al*., 2011), en especies de mora *Rubus spp.* (Morillo *et al.,* 2005), Yacon *Smallanthus sonchifolius* (Polaco, 2011), entre otros.

Tabla 3. Cebadores utilizados en la técnica Microsatélites RAMs (Muñoz *et al*., 2008) para la caracterización molecular de 51 genotipos de *Heliocarpus americanus* Watss.

Cebador	Secuencia
CT	DYDCTCTCTCTCTCTCTC= DYD $(CT)_7C$
CGA	DHBCGACGACGACGACGA = DHB$(CGA)_5$
CA	DBDACACACACACACACA = DBDA$(CA)_7$
AG	HBHAGAGAGAGAGAGAGA = HBH $(AG)_7A$
TG	HVHTGTGTGTGTGTGTGT = HVH$(TG)_7T$
CCA	DDBCCACCACCACCACCA = DDB $(CCA)_5$
GT	VHVGTGTGTGTGTGTGTG = VHV $(GT)_7G$
Designaciones para sitios degenerados:	
H (A ó T ó C)	B (G ó T ó C)
V (G ó A ó C)	D (G ó A ó T)

Fuente: Muñoz *et al*., 2008

Para la reacción de amplificación con Microsatélites RAMs se preparó un coctel en un tubo eppendorf estéril (0,5 ml). La mezcla de reacción estuvo compuesta por bufferTAQ, $MgCl_2$, dNTPs, Taq Polimerasa, cebador, agua HPLC y ADN genómico (Tabla 4).

La amplificación se llevó a cabo en un termociclador (MyGenie 96 Thermal Block®). Los programas utilizados fueron: Desnaturalización inicial a 95°C durante 5 minutos; 37 ciclos de desnaturalización a 95°C por 30 segundos. La temperatura de hibridación se estableció de acuerdo con los cebadores seleccionados, así: 58°C (Cebador GT), 61°C (Cebador CGA), 50°C (Cebador AG), 55°C (Cebador TG), 41°C (Cebador CA y Cebador CT) durante 45 segundos y 55°C (Cebador CCA) durante 50 segundos (Muñoz *et al*., 2008). Con una extensión a 72°C por 2 minutos y la extensión final a 72°C durante 7 minutos. En cada grupo de muestra se incluyó un control negativo para detectar posible contaminación.

Tabla 4. Cóctel para la amplificación por RAMs (Muñoz *et al*., 2008).

Reactivos	[Inicial]	[Final]	Volumen (µl)
Buffer TAQ	10x	1x	2,5
dNTPS	1,25 mM	0,2 mM	4,0
Cebador	50µM	4µM	2,0
$MgCl_2$	25mM	2,75mM	2,5
AND	10 ng/µl	0,8 ng/µl	2
Agua HPLC	-	-	11,8
Taq polimerasa	5 U/µl	0,04 U/µl	0,2
Volumen total			25

Fuente: Muñoz *et al*., 2008

Los productos amplificados fueron separados por electroforesis vertical en geles de poliacrilamida (12%), usando sales de plata para la tinción. El marcador de peso molecular utilizado fue el GeneRuler 50 bp DNA Ladder.

La lectura de bandas se realizó directamente sobre los geles, utilizando un fondo de luz blanca y se generó una matriz binaria de ausencia (cero) y presencia (uno) de bandas. Se estimaron los parámetros de diversidad entre las diferentes poblaciones de *H. americanus* por estadística descriptiva de frecuencias alelicas y de heterocigotos, se determinó el número de alelos polimórficos, la heterocigosidad observada, la heterocigosidad esperada y el número de alelos amplificados por cebador. Para el análisis de los resultados, se usó el software TFPGA (Tools for Population Genetic Analysis) (Miller, 1997). Las estimaciones de similitud se calcularon con el método de Nei (1978) y el análisis clúster y la construcción del dendrograma se realizó por el método UPGMA (Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean) (Hart, 1983).

Finalmente, se determinó utilizando el método de Jaccard (1908) incluido en el programa Diva Gis Versión 7,5 (Robert *et al.*, 2009) la relación que existe entre la distribución geográfica de la especie con los clusters obtenidos en la caracterización morfológica y molecular, mediante un análisis especial de diversidad.

3. RESULTADOS Y DISCUCIÓN

3.1. Distribución geografía de *Heliocarpus americanus* Watss. en el departamento de Nariño

De acuerdo con los datos de pasaporte (Anexo 2 y Anexo 3), se observa que *H. americanus* se ha establecido en un 93,10% por regeneración natural y de forma cultivada en un 6,9%. Igualmente se encuentra en las siguientes fuentes: borde de carretera 27,6%, fuentes hídricas 16,7%, jardín o huerto 16,7%, asociado a cultivos 10,9%, cerca viva 9,8%, bosque secundario y bosque primario 8,04%, pradera o pastizal 7,5% y en barbecho 2,9%.

El análisis espacial de riqueza (Figura 1) muestra que el municipio donde se presenta con mayor frecuencia la especie corresponde a El Tambo (25,6%), seguido por los municipios de Chachagui (21,9%) y Consacá (11,7%), mientras que Ricaurte y Mallama son los que presentan menor porcentaje de abundancia con 0,6% para ambos.

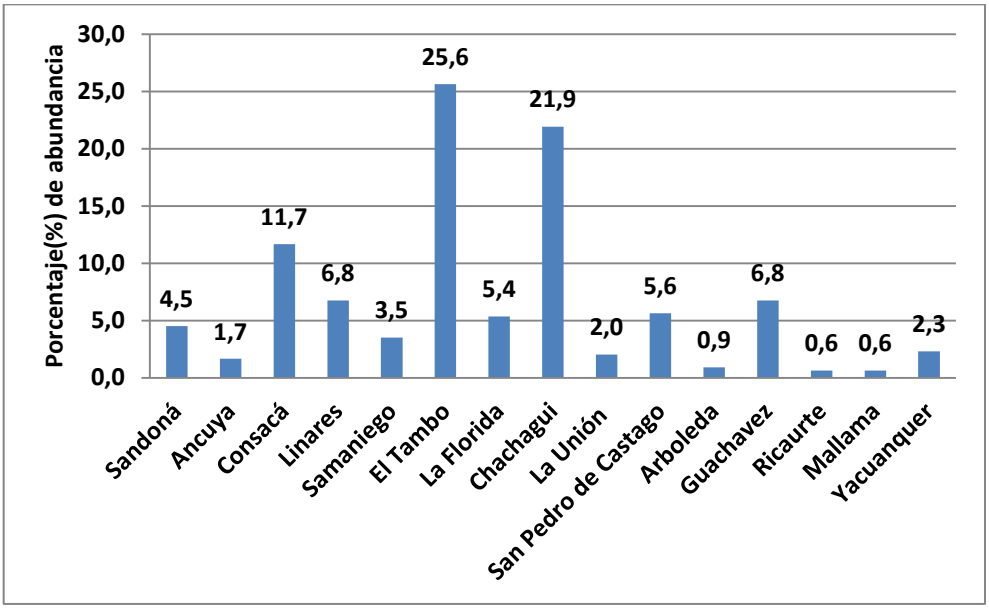


Figura 1. Distribución geográfica en porcentaje de *Heliocarpus americanus* Watts. en la zona andina del departamento de Nariño (2013).

Al ubicar geográficamente las coordenadas de cada uno de los sitios evaluados, se tiene que la mayor población se encuentra concentrada al sur occidente del departamento de Nariño, en los municipios de El Tambo, Linares, Sandoná, Samaniego y Consacá (Figura 2). Estos municipios se caracterizan por que el *H. americanus*, no se produce en sistemas de cultivo y se encuentra de forma general en zonas de bosques secundarios.

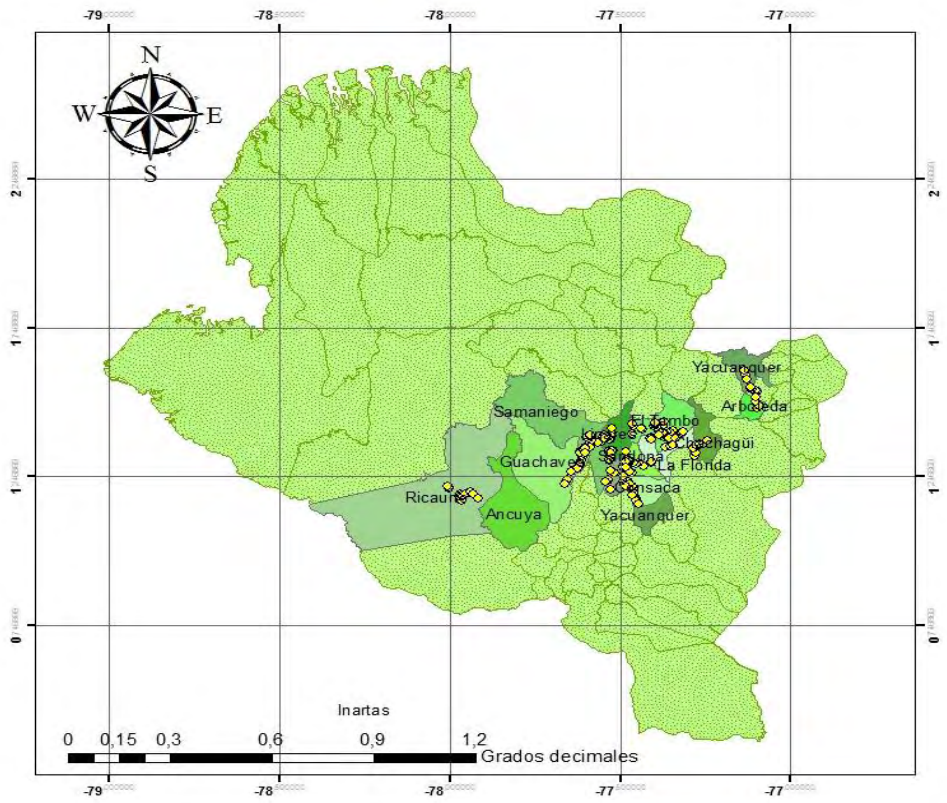


Figura 2. Distribución Geográfica de las presencias verdaderas de Balso blanco (*Heliocarpus americanus* Watss.) en el departamento de Nariño (2012).

El análisis en MaxEnt, genero un mapa que predice las zonas de mayor riqueza potencial de *H. americanus* con base en las variables bioclimáticas empleadas. La capacidad de predicción según el modelo genero un AUC de 0,991, y la desviación estándar es 0,002; debido a que los valores de la AUC van de 0 a 1 e indican la probabilidad de encontrar las condiciones apropiadas para la especie en un área geográfica determinada (Phillips *et al*., 2006), por lo tanto demuestra, que la predicción es altamente significativa y valida (Figura 3).

De acuerdo con el análisis de omisión y comisión (AUC) (Figura 3), la línea de la curva del área media, tiene un vértice tendiente a cero. Esto indica que el error por

comisión es bajo. El área naranja de la desviación estándar, se encuentra sobre la línea de omisión, por lo tanto el error por omisión también es bajo, concluyendo con el 99% de certeza (P>0,1) que el modelo de predicción se ajusta para esta especie.

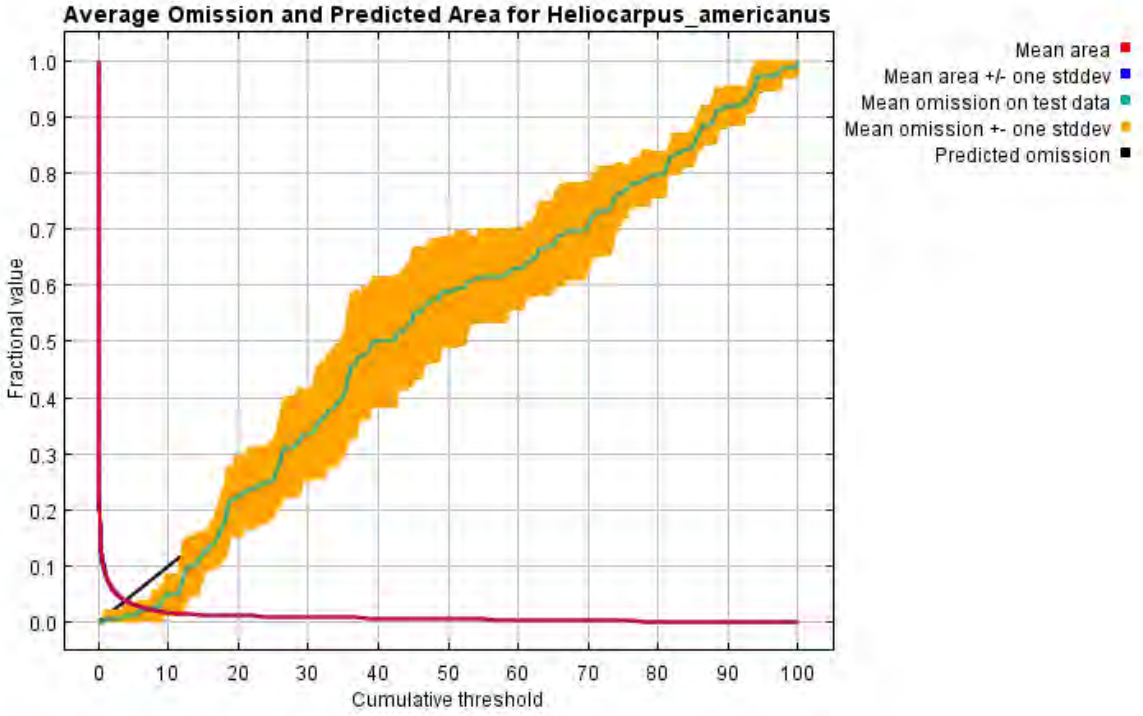


Figura 3. Análisis de Omisión y Comisión (AUC) del modelo de distribución de *Heliocarpus americanus* Watss. según variables bioclimáticas correlacionadas con presencias verdaderas de la especie en el departamento de Nariño.

El AUC, es una medida de precisión de los modelos. Se obtiene comparando la proporción de presencias falsas y verdaderas positivas, es decir, desplegado en un plano cartesiano (dos ejes X y Y), la proporción de presencias falsas positivas (especificad) y en el eje Y la proporción de positivos verdaderos (sensibilidad). La precisión del modelo es mayor cuando la proporción de positivos verdaderos es mayor a la de positivos falsos, lo que se expresa gráficamente en una curva que mientras mayor sea su precisión, más de acercará a la esquina izquierda del gráfico, generando un “área de curva” mayor (Pliscoff y Taryn, 2011); se estima que valores sobre 0,9 de AUC dan cuenta de modelos con alta precisión y valores entre 0,7 y 0,9 indican modelos con buena precisión (Thuiller *et al*., 2009).

Aunque los errores de comisión detectados son bajos, estos pueden deberse a la carencia de registros en un mayor número de municipios, y que efectivamente la

especie está presente; otra posible razón es que los mapas generados representen el nicho ecológico fundamental de la especie, pero que los factores históricos (barreras geográficas, capacidad de dispersión limitada) o bióticos (competencia, sobreexplotación) hayan impedido que esta especie ocupe las áreas previstas, o bien, que por su uso indiscriminado se encuentre extinta o tenga frecuencia imperceptible (Anderson *et al*., 2003; Soberón y Peterson, 2005).

Teniendo en cuenta que la predicción propuesta por MaxEnt es válida, se debe considerar para el análisis de la distribución espacial de esta especie, las estimaciones de las contribuciones relativas de las variables ambientales que según los resultados de la prueba de Jackknife tuvieron mayor poder de predicción (Tabla 5).

Tabla 5. Análisis de la contribución de las variables bioclimáticas

Variable	Porcentaje de contribución	Importancia de permutación
BIO17	16.1	26
BIO8	15	0.2
BIO10	14.1	0.3
BIO9	9.1	0.9
BIO14	6	6.5
BIO12	5	0.3
BIO6	4	0.2
BIO11	2.5	3.1
BIO2	1.2	1.1
BIO16	1.1	0.4
BIO18	1.1	9.2
BIO13	1	18.2
BIO5	0.4	0.4
BIO19	0.3	0.5
BIO7	0.1	0.5
BIO1	0.1	3.2

Los resultados muestran que se obtiene una mayor ganancia con las variables Bio17 (Precipitación del trimestre más seco) con un porcentaje de contribución del 16,1%, BIO8 (Temperatura media del trimestre más húmedo) la cual contribuye con 15% y BIO10 (Temperatura media del trimestre más cálido) que tiene el 14,1% de contribución. Mientras que las variables BIO1 (Temperatura promedio

anual), BIO7 (Amplitud térmica anual) y BIO19 (Precipitación del trimestre más frio) con valores de contribución de 0,3, 0,1 y 0,1% en su orden, son las variables menos representativas para el análisis de distribución.

La Figura 4 muestra los resultados de la prueba Jackknife para las variables climáticas, La variable ambiental con ganancia más alta es la BIO8, Mientras la variable ambiental que disminuye la ganancia es BIO18. Estas contribuciones no deben entenderse necesariamente como la causa de la distribución del *H. americanus*, sino como las variables que explican mejor la presencia de la especie en el área de estudio y que contribuyen en mayor medida a llegar a una buena separación entre las zonas idóneas e inadecuadas. Es posible que tengan un sentido biológico claro o simplemente que actúen como indicadores.

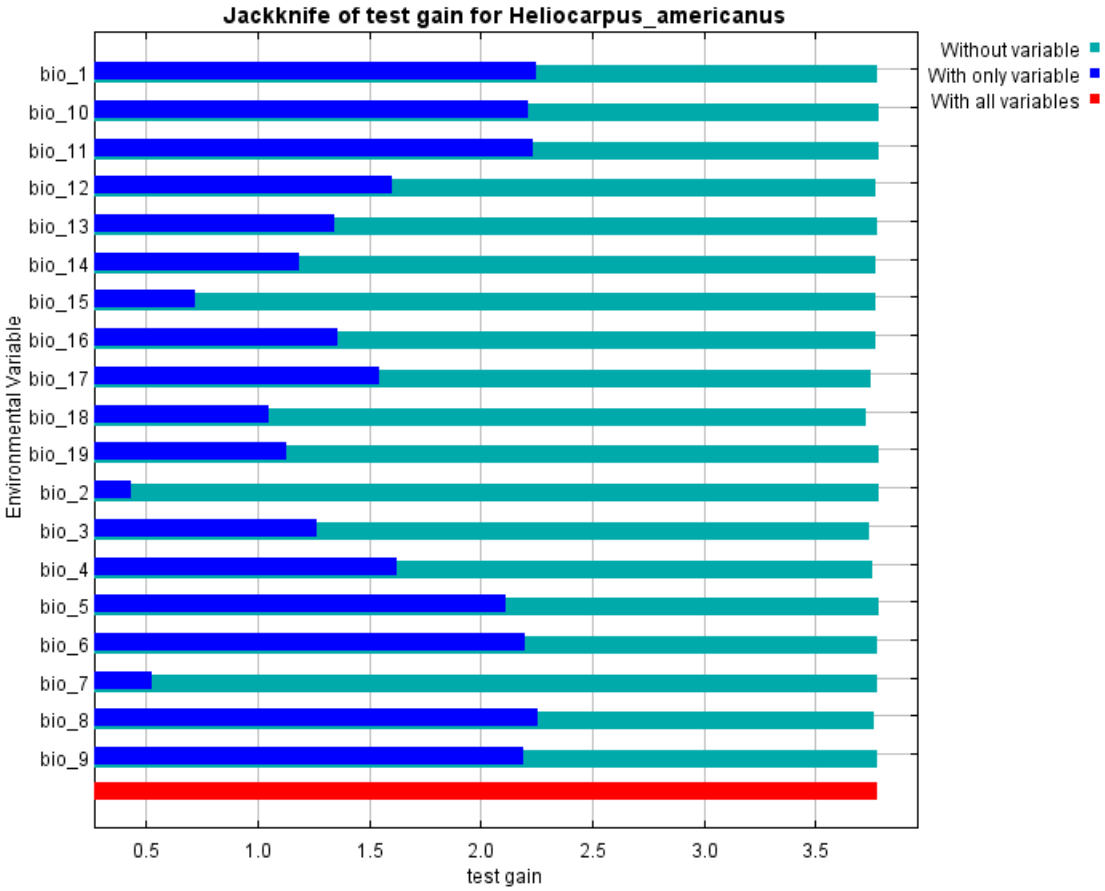


Figura 4. Prueba de Jackknife para determinar del aporte de variables bioclimáticas al modelo de distribución de *Heliocarpus americanus* Watss.

De acuerdo con lo anterior, se grafica las zonas de distribución de *H. americanus* con base en las variables ambientales que se encuentran dentro de las condiciones climáticas favorables para la especie, con diferentes niveles de

probabilidad de encontrarla, la cual se da por gradientes en tonalidades naranja y rojo (Figura 5).

Las predicciones identificadas con color rojo indican mayor probabilidad, en este caso superior al 90%, de tener ambientes adecuados para esta especie, localizados en regiones de los municipios que se encuentran a lo largo de la cordillera de los Andes o región andina del departamento, constituida por el nudo de los Pastos, de donde se desprende dos ramales: La Cordillera Occidental, la cual presenta los volcanes Chiles, Cumbal, Azufral y una profunda depresión denominada Hoz de Minamá y la Cordillera Centro-Oriental que presenta el altiplano de Túquerres-Ipiales, el valle de Atriz y los volcanes Galeras y el Doña Juana. El área marcada con rojo, es considerada como de alta calidad para el desarrollo de la especie, bajo el supuesto de que la mayor parte de los individuos de una población ocuparán los sitios que maximicen su adecuación (Hobbs y Hanley, 1990)

En la Figura 5 se evidencia la presencia de la especie en otros municipios aparte de los visitados como es el caso del Municipio de Cumbal. Esto se debe a que el municipio involucra zonas con climas dentro de los rangos aptos para el desarrollo del *H. americanus*.

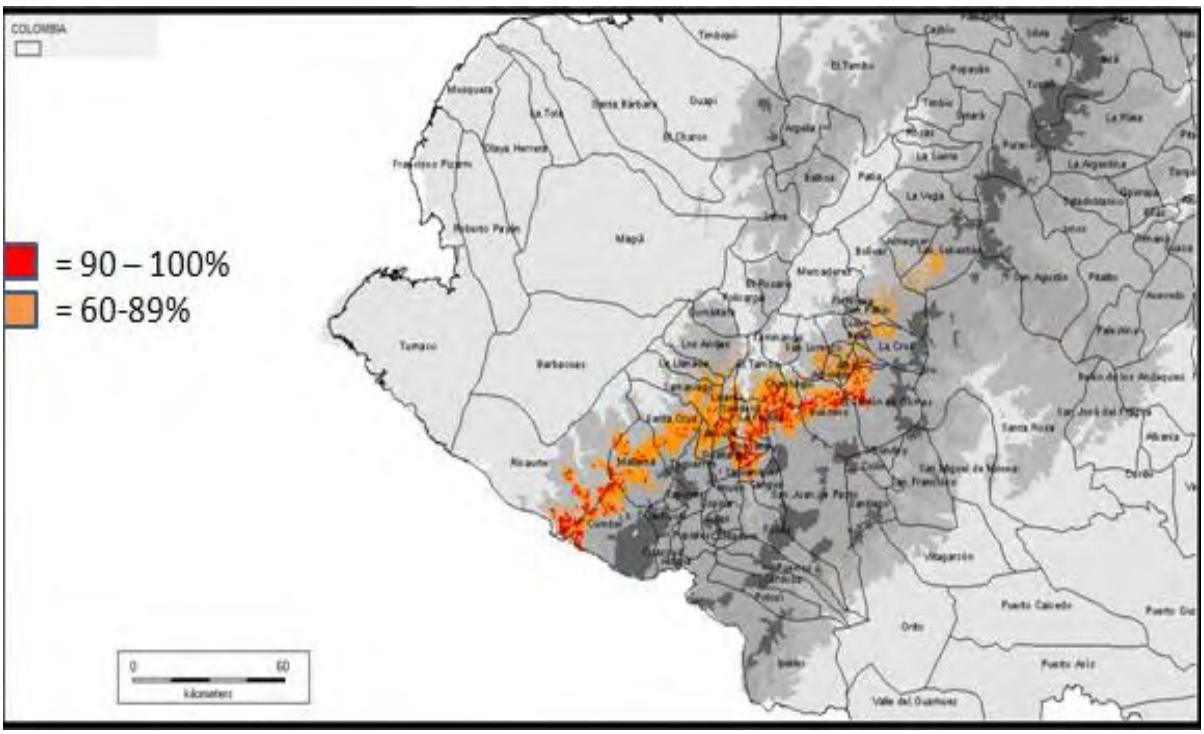


Figura 5. Distribución potencial de *Heliocarpus americanus* Watss. en la zona andina del departamento de Nariño.

La mayor riqueza de la especie, se presenta en las estribaciones del nudo de los pastos, complejo montañoso perteneciente a la cordillera de los Andes, No obstante, en el mapa existen pequeñas áreas de ocurrencia, lo que indica que posiblemente por la fragmentación histórica, su distribución ha perdido continuidad en estas zonas generando poblaciones aisladas (Figura 5).

Además, existe la posibilidad de que una zona presente alta probabilidad de presencia de la especie y que esta no se encuentre establecida. Esto puede deberse a que limitaciones de dispersión, interacciones bióticas y condiciones ambientales actuales, ocultan el espectro completo de requerimientos climáticos que la especie necesita para mantener las poblaciones de origen, o a causa de barreras geográficas, mencionadas anteriormente.

El Análisis de Componentes Principales (ACP) permitió establecer, con base en el porcentaje acumulado de los valores propios (Tabla 6), un total de cuatro factores o componentes, de los cuales el número 1 y 2 explican el 63,07% de la distribución de *H. americanus*.

Tabla 6. Histograma de los valores propios que explican la agrupación de zonas de presencias verdaderas de *Heliocarpus americanus* Watss.

Número	Valores Propios	Porcentaje de Valores Propios	Acumulado
1	1,5127	37,82	37,82
2	1,0103	25,26	63,07
3	0,9742	24,36	87,43
4	0,5028	12,57	100,00

El primer factor permite explicar el 37,82% de la agrupación y está conformado principalmente por la variable BIO9 (Temperatura media del trimestre más seco), con una correlación variable-factor de -0,85 (Tabla 7). Esto se debe a que el *H. americanus*, a pesar de que es un árbol muy adaptable, requiere de ambientes bastante húmedos, por lo tanto en zonas, donde la época de sequía presenta temperaturas bajas, se disminuye la deshidratación de los tejidos por evapotranspiración, y la especie se desarrolla de manera normal (OpEPA, 2013).

El análisis de clasificación permitió identificar tres grupos climáticos (Figura 6), en el primero se incluyen los municipios de Sandoná, Chachagui, Guachavez, Ancuya, Linares, Samaniego, El Tambo, La Unión, Consacá, La Florida, Arboleda, San Pedro de Cartago y Yacuanquer; en el segundo grupo se encuentran los

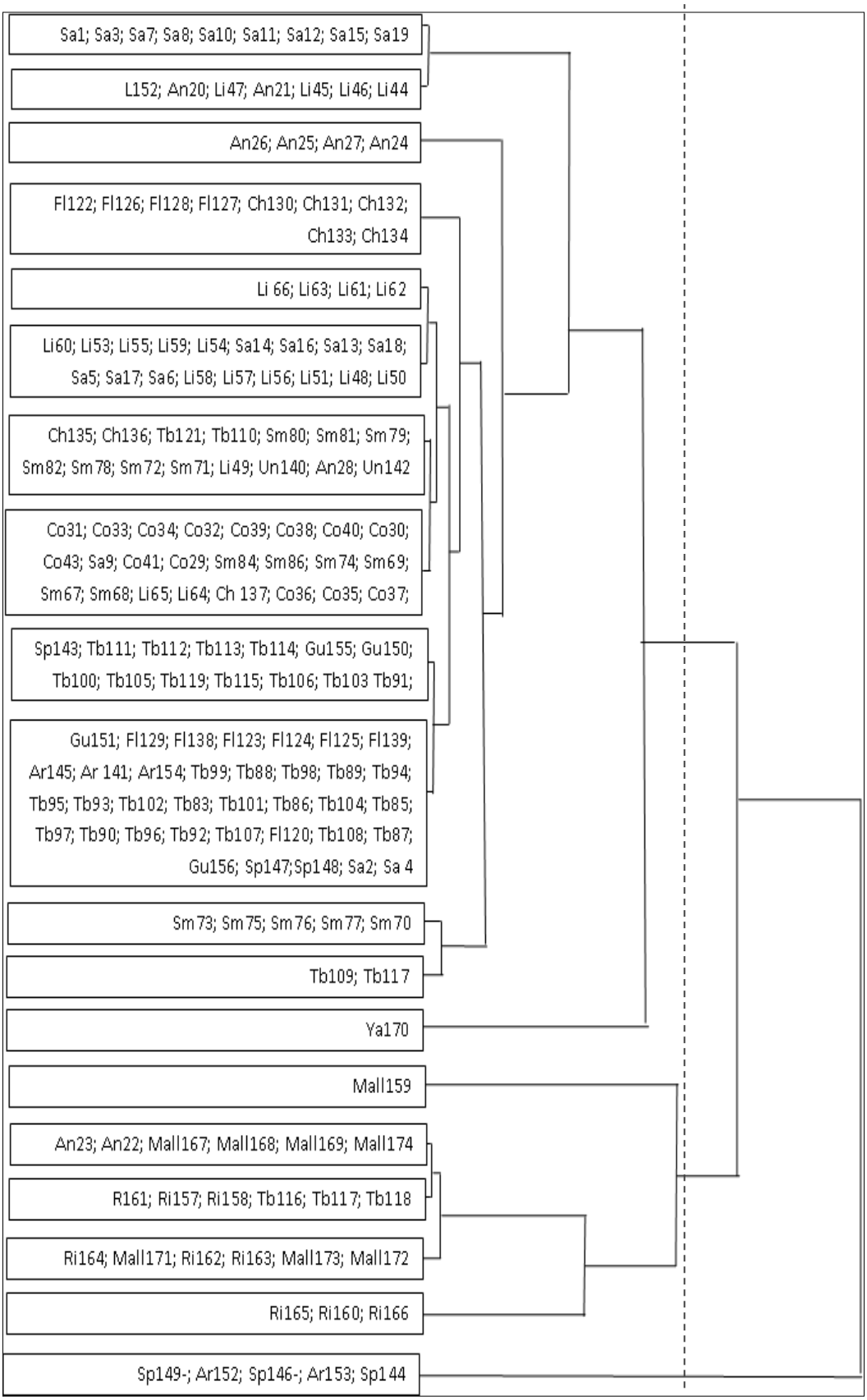
municipios de Mallama, Ancuya, Ricaurte y El Tambo, y en el tercer grupo San Pedro de Cartago y Arboleda.

Tabla 7. Correlación variable-factor de las variables bioclimáticas sobre los factores o componentes.

Variables	Correlación variables-factor			
	1	2	3	4
BIO 9	-0,85	0,11	-0,17	0,49
BIO 8	0,01	0,85	0,53	0,00
BIO 10	0,86	-0,04	0,06	0,50
BIO 17	0,24	0,52	-0,82	-0,07

De acuerdo con la geografía del departamento, el primer grupo está influenciado por el cañón del rio Guaitara, el segundo por el del rio Juanambu y el tercero por las altas humedades relativas del Pacifico. Teniendo en cuenta que en estas zonas existe alta humedad, se corrobora la influencia de las variables evaluadas anteriormente en la distribución de *H. americanus*.

En el primer grupo se incluyeron 148 puntos, los cuales están a una altura comprendida entre 1398 a 2514 msnm. El segundo incluyó 21 datos con una elevación entre 1204 y 2509 msnm y el tercer grupo incluyó 5 datos con una elevación entre 1872 y 2514 msnm.



Dónde: Sa: Sandoná; Li: Linares; Fl: La Florida; Cha; Chachagui; Tb: El Tambo; Gu: Guachavez; Sm; Samaniego; Ya: Yacuanquer; Sp; Cartago; Ar: Arboleda; Mall: Mallama; Ri: Ricaurte; Un: La Unión; Co: Consacá.

Figura 6. Dendograma de la georeferenciación de *Heliocarpus americanus* Watss. formados a partir del ACP de las variables climáticas estimadas.

3.2. Caracterización morfológica

3.2.1. Análisis de componentes principales (ACP)

Las variables cuantitativas evaluadas por su alta variabilidad (coeficiente de variación mayor a 25%) fueron: altura del fuste limpio (AFL), la dureza de la madera (DZM), el peso específico aparente de la madera (PSM), la resistencia a la flexión (RF), el grosor de la corteza desprendida (GCD), la materia seca de corteza (PFC), el número de ramas principales (NRP), la longitud de ramas (LGR), el número de nudos por metro de rama (NNMR), el diámetro basal de ramas (DBR), la profundidad de la base de lámina foliar (PB), la longitud de pétalos (LGP), el ancho de pétalos (AP), el número de botones florales en inflorescencia (NFI), el número de frutos por inflorescencia (NFIN), el número de frutos deformes por inflorescencia (NFD), el grosor de pedúnculo (GRP), el número de lóculos (NL) y el peso de semilla (PES).

En la Tabla 8 se presenta el Análisis de Correlación simple entre las variables evaluadas. Este análisis, indica que no existen asociaciones significativas entre ellas. Para que dos variables estén asociadas en grado significativo el coeficiente de correlación debe ser superior 0,5 (P=±0,5) (Quintana, 1989).

Tabla 8. Análisis de correlación entre variables cuantitativas evaluadas en los recursos genéticos de *Heliocarpus americanus* Watss. del departamento de Nariño.

	AFL	DZM	PSM	RF	GCD	PFC	NRP	LGR	NNMR	DBR	PB	LGP	AP	NFI	NFIN	NFD	GRP	NL	PES
AFL	1,00																		
DZM	0,26	1,00																	
PSM	-0,04	0,21	1,00																
RF	0,17	0,29	0,25	1,00															
GCD	0,02	0,12	0,04	-0,08	1,00														
PFC	-0,14	0,31	-0,08	0,28	-0,55	1,00													
NRP	-0,09	0,10	0,31	0,26	-0,12	0,04	1,00												
LGR	0,18	0,12	0,01	0,15	0,07	-0,21	0,07	1,00											
NNMR	0,02	0,03	-0,37	-0,17	0,23	0,06	0,00	-0,01	1,00										
DBR	0,06	-0,15	0,01	-0,16	-0,34	0,00	-0,32	-0,21	-0,16	1,00									
PB	0,33	0,06	-0,03	0,14	-0,44	0,24	0,22	-0,03	-0,16	0,25	1,00								
LGP	0,26	-0,05	-0,26	-0,07	0,00	0,17	-0,27	0,01	0,22	0,14	0,04	1,00							
AP	0,16	-0,12	0,07	0,16	-0,27	0,19	0,06	-0,17	-0,17	0,06	0,10	0,35	1,00						
NFI	0,15	-0,11	0,03	-0,03	-0,11	-0,05	0,04	0,32	-0,13	-0,05	0,09	0,05	0,01	1,00					
NFIN	-0,08	-0,22	0,00	-0,23	-0,08	-0,24	-0,07	0,24	-0,05	0,06	-0,25	0,14	0,08	0,47	1,00				
NFD	0,13	-0,05	-0,03	-0,11	-0,15	-0,14	-0,21	0,02	-0,25	0,45	0,08	0,24	0,03	0,02	-0,05	1,00			
GRP	0,11	0,12	-0,03	-0,07	0,12	-0,02	0,12	-0,11	0,13	-0,05	0,02	0,11	0,40	0,01	0,02	-0,11	1,00		
NL	-0,02	-0,14	-0,04	0,04	0,01	-0,09	-0,03	-0,27	-0,30	-0,12	-0,02	-0,13	0,04	-0,32	-0,21	0,04	-0,10	1,00	
PES	-0,05	-0,15	-0,20	-0,22	-0,15	-0,04	0,02	0,07	0,21	-0,19	-0,02	0,01	-0,02	0,14	0,28	-0,03	-0,05	-0,01	1,00
	AFL	**DZM**	**PSM**	**RF**	**GCD**	**PFC**	**NRP**	**LGR**	**NNMR**	**DBR**	**PB**	**LGP**	**AP**	**NFI**	**NFIN**	**NFD**	**GRP**	**NL**	**PES**

El análisis de componentes principales (ACP) permitió establecer, con base en el porcentaje acumulado de los valores propios (Tabla 9), un total de cinco factores o componentes, los cuales explican el 54,18% de la variabilidad total de los recursos genéticos de Balso blanco en el departamento de Nariño.

Tabla 9. Valores propios de los componentes principales, que explican la variabilidad de los recursos genéticos de *Heliocarpus americanus* Watss. caracterizados en el departamento de Nariño (Variables cuantitativas).

Número	Valores Propios	Porcentaje	Porcentaje acumulado
1	2,4625	12,96	12,96
2	2,3185	12,20	25,16
3	2,0062	10,56	35,72
4	1,8466	9,72	45,44
5	1,6611	8,74	54,18

El primer factor permite explicar el 12,96% de la variabilidad y está conformado principalmente por las variables resistencia a la flexión (RF) con una correlación variable-Factor (r_{RF-f}) de 0,57, grosor de corteza deprendida (r_{GCD-f} = -0,52), materia seca de corteza (r_{PFC-f} =0,58), profundidad de base en la lámina foliar (r_{PB-f} = 0,59) y número de frutos por inflorescencia (r_{NFIN-f} = -0,50) (Tabla 10).

Estas variables están relacionadas con características de madera, corteza, hojas y frutos. Desde el punto de vista productivo, este factor es de gran importancia, por cuanto está representado por variables relacionadas con la productividad del árbol. Sin embargo, en *H. americanus* no se ha establecido la identidad de las variables que más aportan a su rendimiento, aunque actualmente su explotación se realiza para la obtención de mucilago proveniente de su corteza.

El segundo factor explica el 12,20% de la variabilidad total y estuvo conformado principalmente por las variables diámetro basal de rama (r_{DBR-f} = -0,66), longitud de pétalos (r_{LGP-f} = -0,55) y número de frutos deformes (r_{NFD-f} = -0,54) (Tablas 9 y 10).

Las variables que más aportaron a la conformación del tercer factor, el cual permite explicar 10,56% de la variabilidad total fueron la longitud de ramas (r_{LGR-f} = 0,60), el número de botones florales en inflorescencia (r_{NFI-f} = 0,68) y el número de lóculos por fruto (r_{NL-f} = -0,55) (Tablas 9 y 10).

El cuarto factor representa el 9,72% de la variabilidad de los recursos genéticos de *H. americanus*, estuvo conformado principalmente por la variable número de nudos por metro de rama (r_{NNMR-f} = 0,71) (Tablas 9 y 10).

Finalmente, el quinto factor mostro un 8,74% de la variabilidad total y las variables que aportaron en su formación fueron el al ancho de lámina foliar (AFL) y grosor de corteza desprendida (r_{GCD-f} = 0,52) (Tablas 9 y 10).

Tabla 10. Correlación variable-factor de cada una de las variables sobre los cinco primeros factores o componentes (Variables cuantitativas).

Variables	Correlación variables-factor				
	1	2	3	4	5
AFL	0,21	-0,18	0,33	0,15	0,61
DZM	0,36	0,38	0,23	0,23	0,37
PSM	0,31	0,36	0,15	-0,49	0,11
RF	0,57	0,35	0,26	-0,03	0,13
GCD	-0,52	0,49	-0,15	0,14	0,52
PFC	0,58	-0,10	0,08	0,40	-0,39
NRP	0,30	0,46	0,34	-0,09	-0,33
LGR	-0,23	0,11	0,60	-0,22	0,27
NNMR	-0,39	0,09	0,07	0,71	-0,05
DBR	0,20	-0,66	-0,26	-0,23	0,17
PB	0,59	-0,27	0,18	-0,01	-0,04
LGP	-0,04	-0,55	0,13	0,46	0,27
AP	0,36	-0,34	0,18	0,23	-0,10
NFI	-0,20	-0,24	0,68	-0,29	-0,05
NFIN	-0,50	-0,31	0,46	-0,27	-0,20
NFD	0,09	-0,54	-0,19	-0,30	0,37
GRP	0,06	-0,01	0,18	0,43	0,08
NL	0,15	0,12	-0,55	-0,16	-0,08
PES	-0,36	-0,16	0,21	0,09	-0,46

3.2.1.1. Análisis de clasificación con base en variables cuantitativas

El análisis de clasificación permitió agrupar a los individuos caracterizados en cinco clases definidas por su afinidad intragrupal y por sus diferencias intergrupales (Tabla 11 y Figura 7).

La clase uno estuvo conformada por 19 árboles, los cuales representan el 37,2% de la población de *H. americanus* (Tabla 11). Este grupo se caracterizó por tener un promedio superior en NNMR (44 nudos) comparado con el promedio general que fue de 35 nudos. Además, presentaron menores valores del PSM (0,49 g) (Tabla 12 y Figura 7). Por esta condición se puede definir a este grupo como el de características de calidad de madera desfavorables, dado que posee ramas con entrenudos cortos y bajo peso específico de la madera, condiciones que desfavorecen el trabajo físico de la misma (Cardoso *et al.*, 2013), aunque la madera de esta especie no se explota de manera comercial representa un valor agregado por lo múltiples usos que la comunidad le está dando actualmente (Ortiz, 2005).

Sin embargo, estos genotipos pueden presentar otras características morfológicas de interés para el mejoramiento de esta especie, ya que dentro de una misma especie existen genotipos que poseen otro tipo de características que merecen ser

estudiadas y que son de importancia para el mejoramiento y obtención de cultivares más productivos.

Tabla 11. Participación de los genotipos que conforman cada uno de los grupos en que se dividen los recursos genéticos de *Heliocarpus americanus* Watss., con base en las variables cuantitativas.

GRUPO	No.	Participación (%)	GENOTIPOS
1	19	37,2	CO137-2; CO167-2; CO155-2; CO141; CO136-4; CO145; GU124-3; FL177-1; FL188-4; CH91; CH63; CH90-4; CH67; SP44; CH95-2; CH76; CH81-1; CH92; AN160
2	17	33,3	SP3-2; UN6-1; UN06; YA159; LI14; GU118-1; TB55; TB39-4; FL183-3; ML61; CH102; CH94-1; FL185-1; GU112; YA165-3; CO169-3; TB37-2
3	7	13,8	SN129-1; GU118-3; TB56-4; SM108-4; GU113; TB56-5; GU128-1
4	1	1,9	RI55
5	7	13,8	UN03; Li80; LI68; LI97; SN121; AR19; CH92-1

La clase dos lo conforman 17 genotipos que representan el 33,3% de los árboles evaluados. Este grupo presentó un promedio mayor en ancho de la lámina foliar (AFL = 4,77 cm), peso específico de madera (PSM = 0,87 g), dureza de la madera (DZM = 191,19 N), longitud de ramas (LGR = 1,20 m) y resistencia a flexión de la madera (RF = 447,8 Kg/cm^2), comparado con el promedio general de la muestra evaluada que fue de 3,65 cm, 0,70 g, 149,48 N, 1,07 m y 374,41Kg/cm^2, respectivamente. Estos datos, permiten destacar a este grupo por poseer buenas características maderables, lo cual constituye un valor agregado al valor comercial del árbol, ya que favorece el trabajo físico de la madera (Cardoso *et al.*, 2013) (Tablas 11 y 12; Figura 7).

La Norma Técnica Colombiana, cuyo objeto es optimizar el empleo de la madera y sus productos derivados, establece que las maderas deben ofrecer un nivel de resistencia mecánica de servicio y de durabilidad, adecuada al uso para el que se destinan. En cuanto las propiedades evaluadas, este grupo de individuos pertenecen al Grupo A, en el que se clasifican las maderas con valores superiores a 0,71 g en peso específico, 120 N en dureza y 130 Kg/cm^2 en resistencia a flexión, útiles para ingeniería civil y arquitectura (Norma Técnica, 2003).

La clase tres estuvo conformado por siete individuos que representan el 13,8% de la población evaluada. Los árboles pertenecientes a este grupo se caracterizan por presentar mayores promedios respecto al promedio general en la variable número de frutos deformes (NFD = 88 frutos) y diámetro basal de rama (DBR = 2,31 cm), además de presentar menores promedios que el promedio general en número de nudos por metro de rama (NNMR = 22 nudos). Es importante destacar la variable

NFD, por cuanto esta característica resulto ser inusual en la morfología de los árboles y en la literatura no se han reportado (Tablas 12 y 13; Figura 7). Además, se debe resaltar el menor porcentaje promedio de nudos, debido a que el uso estructural de la madera exige calidad la cual depende de factores internos propios de la estructura de la madera y originados durante su desarrollo, tales como la pendiente de la fibra y la presencia de nudos (Norma técnica, 2003).

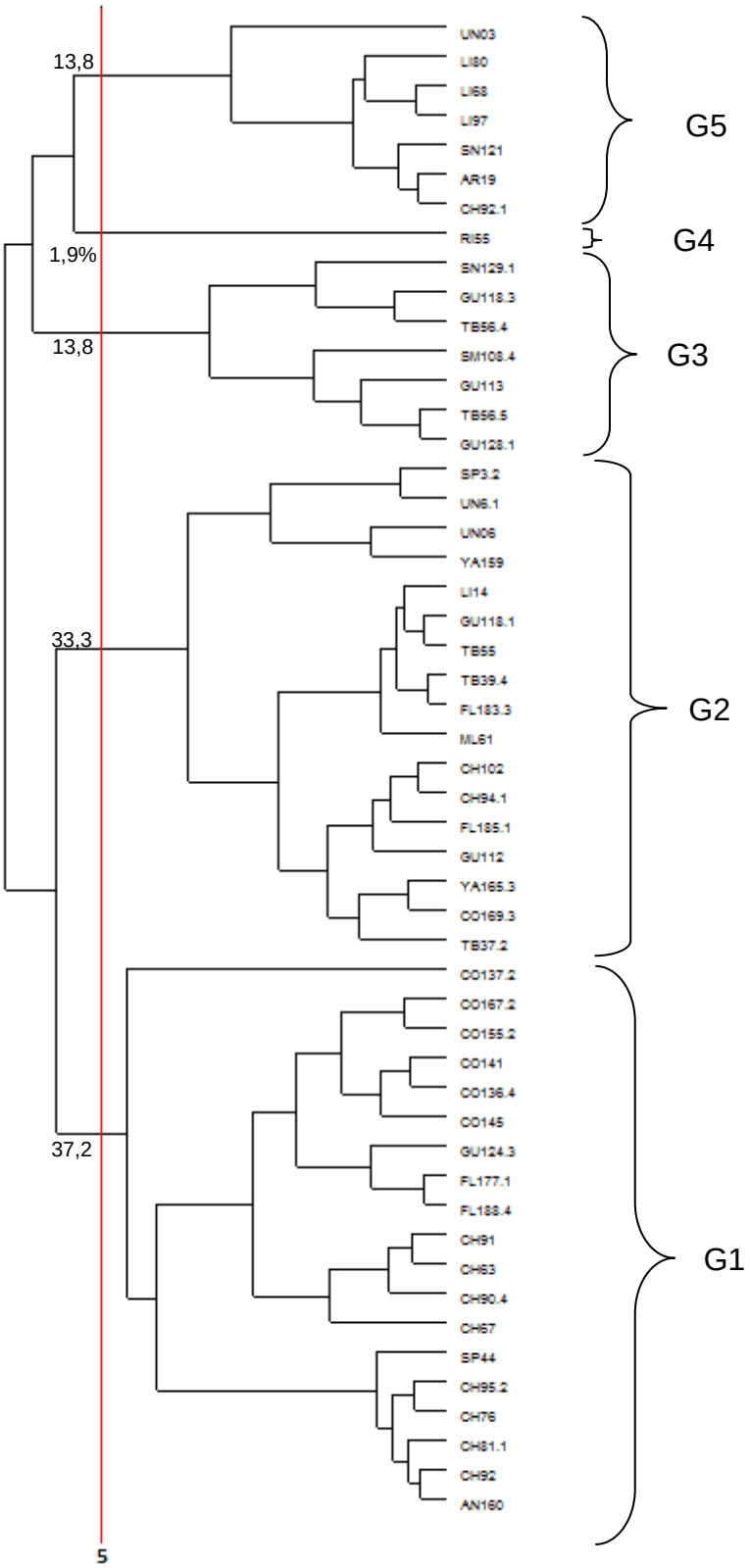
Tabla 12. Descripción de las cinco clases de *Heliocarpus americanus* Watss. establecidas con base en variables cuantitativas.

Variables características	Media de Clúster	Media General	Desviación estándar	Desviación general	Valr - Test	Probabilidad
CLÚSTER 1 / 5	**(Peso = 19.00 Número = 19)**					
NNMR	44,58	35,12	10,61	14,30	3,61	0,000
PSM	0,49	0,70	0,28	0,28	-4,12	0,000
CLÚSTER 2 / 5	**(Peso = 17.00 Número= 17)**					
AFL	4,77	3,65	1,34	1,43	3,91	0,000
PSM	0,87	0,70	0,22	0,28	3,00	0,001
DZM	191,19	149,48	70,93	76,91	2,71	0,003
LGR	1,20	1,07	0,31	0,26	2,49	0,006
RF	447,80	375,41	143,01	150,64	2,40	0,008
CLÚSTER 3 / 5	**(Peso = 7.00 Número = 7)**					
FD	88,00	17,69	83,99	44,54	4,45	0,000
DBR	2,31	1,60	0,35	0,49	4,08	0,000
NNMR	22,71	35,12	7,21	14,30	-2,45	0,007
CLÚSTER 5 / 5	**(Peso= 7.00 Número= 7)**					
NL	3,57	2,14	0,73	0,89	4,57	0,00
LGP	0,35	0,47	0,08	0,12	-2,80	0,00
NNMR	20,00	35,12	8,00	14,30	-2,98	0,00

El genotipo RI55 conformó el grupo cuatro con 1,9% de participación, el cual presentó datos superiores en número de botones florales por inflorescencia (NFI = 8482) y número de frutos por inflorescencia (NFIN = 4691 frutos), comparados con los promedios generales que fueron, en su orden, de 2961 botones y 1596 frutos. Además presentó el menor valor en la variable grosor de la corteza desprendida (GCD= 0,76 cm), con respecto a la media general (1,86 cm). Se puede considerar que este genotipo presenta buenas características debido a que forestalmente es favorable que haya un buen número de frutos, ya que es esta especie en particular su propagación vegetativa es poco efectiva (Aroca y Montilla, 2006; Vásquez *et al*., 2006). Sin embargo, el grosor de la corteza, que es la característica relacionada con el valor comercial de la especie, es bajo (Tablas 11; Figura 7). Solares *et al*. (2006) afirman que el grosor de la corteza es una característica que se relaciona con el genotipo de las especies arbóreas y la temperatura ambiental, por cuanto en su estudio con Cuachalalate (*Amphipterygium adstringens*) se observó, en los diferentes ambientes evaluados, menor crecimiento y regeneración de corteza en

meses con altas temperaturas; al respecto, el municipio de Ricaurte está ubicado a 1329 msnm y presenta temperatura promedio de 28°C.

El grupo quinto conformado por 7 genotipos, representó el 13,8% de la población caracterizada. En este grupo, la variable número de lóculos por fruto (NL), presento promedio superior al promedio general, con un valor de 3 lóculos. Mientras que en longitud de pétalos (LGP) y número de nudos por metro de rama (NNMR) obtuvo bajos promedios. Sin embargo ninguna de estas variables tiene peso en la importancia de la especie (Tablas 11 y 12; Figura 7).



Grupo 1:CO137-2; CO167-2; CO155-2; CO141; CO136-4; CO145; GU124-3; FL177-1; FL188-4; CH91; CH63; CH90-4;CH67; SP44; CH95-2; CH76;CH81-1;CH92; AN160

Grupo 2:SP3-2; UN6-1; UN06; YA159; LI14; GU118-1; TB55; TB39-4; FL183-3; ML61; CH102; CH94-1; FL185-1; GU112; YA165-3; CO169-3; TB37-2

Grupo 3:SN129-1; GU118-3; TB56-4; SM108-4; GU113; TB56-5; GU128-1

Grupo 4: RI55

Grupo 5:UN03; LI80; LI68; LI97; SN121; AR19; CH92-1

Figura 7. Dendograma del Análisis de Clasificación Jerárquico con base en variables cuantitativas caracterizadas en individuos de *Heliocarpus americanus* Watss. caracterizados en el departamento de Nariño.

El aporte de cada una de las clases establecidas, así como el de los individuos de *H. americanus*, para la conformación de los grupos uno y dos, se puede observar en la Figura 8. Aquellos individuos más distantes del centro son los que expresan una mayor variabilidad dentro de la colección y que por lo tanto, presentan mayores posibilidades e interés en los programas de mejoramiento.

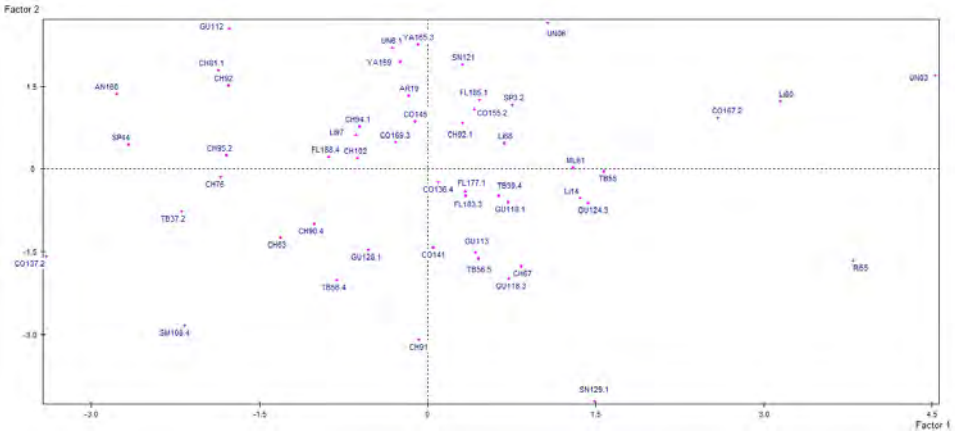


Figura 8. Distribución de las clases y de los individuos de *Heliocarpus americanus* Watss. en el plano cartesiano formado por los factores principales uno y dos.

3.2.2. Análisis de Correspondencias Múltiples (ACM)

3.2.2.1. Análisis descriptivo de variables cualitativas

El análisis descriptivo de las variables cualitativas evaluadas para los recursos genéticos de *H. americanus* en el departamento de Nariño, se muestra en la Tabla 13. Se puede observar que en las características relacionadas con el tronco, predominaron los árboles con base asimétrica (C3=2; 21 genotipos), forma irregular de tronco (C4=3; 22 árboles), con distribución de lenticelas irregular (C5=2; 44 individuos), color de lenticelas 7,5YR (C6=4; 24 individuos) y color de madera 2,5Y de 8/2, 8/4 o 8/6, codificación que corresponde a colores amarillos crema (C7=2; 35 individuos) (Tabla 13; Figura 9).

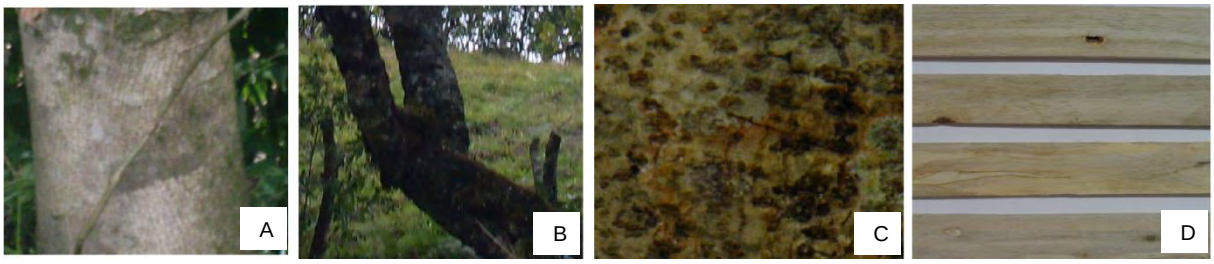


Figura 9. Características predominantes en tronco de *Heliocarpus americanus* Watss. A. Base asimétrica; B. Forma irregular; C. Distribución y color de lenticelas; D. Color de Madera.

Tabla 13. Frecuencias de las categorías de cada variable cualitativa de *Heliocarpus americanus* Watss. sometidas a Análisis de Correspondencia Múltiple (ACM).

Etiqueta de categorías	Número	Peso	Etiqueta de categorías	Número	Peso
Variable: BT			**Variable: FC**		
C3=1	11,00	0,11	C8=1	15,00	0,15
C3=2	21,00	0,21	C8=2	19,00	0,19
C3=3	19,00	0,19	C8=3	17,00	0,17
Variable: FT			**Variable: C**		
C4=1	12,00	0,12	C9=1	13,00	0,13
C4=2	17,00	0,17	C9=2	38,00	0,38
C4=3	22,00	0,22			
Variable: DL			**Variable: MCI**		
C5=1	7,00	0,07	C11=1	31,00	0,31
C5=2	44,00	0,44	C11=2	20,00	0,20
Variable: CL			**Variable: FTM**		
C6=1	10,00	0,10	C10=1	2,00	0,02
C6=2	2,00	0,02	C10=2	30,00	0,30
C6=3	15,00	0,15	C10=3	14,00	0,14
C6=4	24,00	0,24	C10=4	5,00	0,05
Variable: CM			**Variable: OEX**		
C7=1	14,00	0,14	C12=1	6,00	0,06
C7=2	35,00	0,35	C12=2	22,00	0,22
C7=3	2,00	0,02	C12=3	23,00	0,23
Variable: CEX			**Variable: DPR**		
C13=1	8,00	0,08	C16=1	9,00	0,09
C13=2	36,00	0,36	C16=2	34,00	0,34
C13=3	3,00	0,03	C16=3	2,00	0,02
C13=4	4,00	0,04	C16=4	6,00	0,06
Variable: FCP			**Variable: CR**		
C14=1	16,00	0,16	C15=1	38,00	0,38
C14=2	22,00	0,22	C15=2	3,00	0,03
C14=3	13,00	0,13	C15=3	10,00	0,10
Variable: FR			**Variable: PN**		
C17=1	36,00	0,36	C18=1	31,00	0,31
C17=2	6,00	0,06	C18=2	18,00	0,18
C17=3	9,00	0,09	C18=3	2,00	0,02
Variable: DF			**Variable: CIR**		
C20=1	11,00	0,11	C22=1	10,00	0,10
C20=2	2,00	0,02	C22=2	20,00	0,20
C20=3	32,00	0,32	C22=3	15,00	0,15
C20=4	6,00	0,06	C22=4	6,00	0,06

Tabla 13. (Continuación)

Etiqueta de categorías	Número	Peso	Etiqueta de categorías	Número	Peso
Variable: AF			**Variable: COR**		
C19=1	21,00	0,21	C21=1	13,00	0,13
C19=2	12,00	0,12	C21=2	11,00	0,11
C19=3	18,00	0,18	C21=3	27,00	0,27
Variable: FLF			**Variable: FBLF**		
C23=1	39,00	0,39	C24=1	46,00	0,46
C23=2	12,00	0,12	C24=2	5,00	0,05
Variable: FALF			**Variable: BH**		
C25=1	50,00	0,50	C26=1	12,00	0,12
C25=2	1,00	0,01	C26=2	39,00	0,39
Variable: CIHF			**Variable: FTM**		
C27=1	15,00	0,15	C28=1	11,00	0,11
C27=2	15,00	0,15	C28=2	26,00	0,26
C27=3	21,00	0,21	C28=3	14,00	0,14
Variable: CLFH			**Variable: CLFE**		
C29=1	2,00	0,02	C30=1	22,00	0,22
C29=2	26,00	0,26	C30=2	10,00	0,10
C29=3	23,00	0,23	C30=3	19,00	0,19
Variable: OLF			**Variable: CP**		
C31=1	25,00	0,25	C32=1	24,00	0,24
C31=2	17,00	0,17	C32=2	23,00	0,23
C31=3	9,00	0,09	C32=3	4,00	0,04
Variable: IS			**Variable: UTF**		
C33=1	19,00	0,19	C35=1	22,00	0,22
C33=2	32,00	0,32	C35=2	29,00	0,29
Variable: FF			**Variable: CF**		
C34=1	6,00	0,06	C36=1	8,00	0,08
C34=2	4,00	0,04	C36=2	40,00	0,40
C34=3	31,00	0,31	C36=3	3,00	0,03
C34=4	10,00	0,10			
Variable: CS			**Variable: FS**		
C38=1	3,00	0,03	C39=1	15,00	0,15
C38=2	35,00	0,35	C39=2	30,00	0,30
C38=3	13,00	0,13	C39=3	6,00	0,06
Variable: DF					
C37=1	14,00	0,14			
C37=2	37,00	0,37			

En cuanto a características de la corteza las más frecuentes fueron corteza fisurada (C8=2;19 árboles), de contextura fibrosa (C9=2, 38 individuos), con forma de dientes planos en la corteza muerta (C10=2; 30 árboles), con presencia de mucilago en la corteza interna (C11=1; 31 individuos), con exudado muy oxidados (C12=3; 23 árboles) y de color oxidados 5YR el cual corresponde al rojo (C13=2; 36 individuos) (Tabla 13; Figura 10).

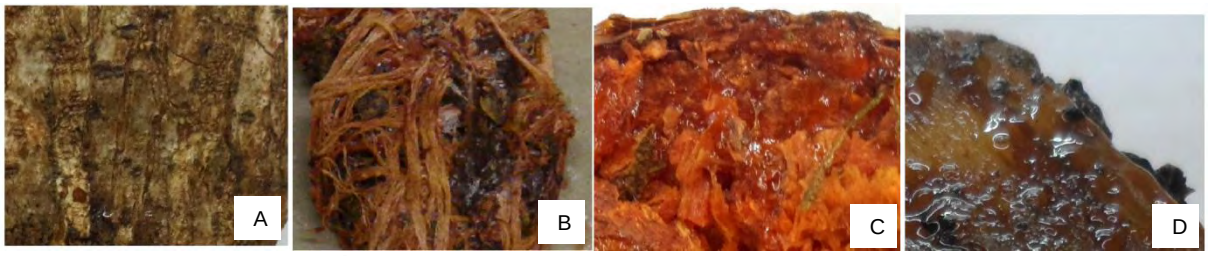


Figura 10. Características predominantes en corteza de *Heliocarpus* americanus Watss. A. Corteza fisurada; B. Contextura fibrosa; C. Forma de dientes planos; D. Exudados en la corteza interna.

En las características morfológicas de la copa, las categorías que se destacan son la forma de copa aparasolada (C14=2; 22 individuos), consistencia de las ramas flexibles (C15=1; 38 árboles), disposición de ramas en espiral (C16=2; 34 genotipos), de forma arqueada (C17=1; 36 árboles), con poda natural abundante (C18= 1; 31 individuos), abundante follaje (19=1; 21 árboles), distribución de follaje en ramillete (C20=3; 32 árboles), color 5Y (amarillo) en las ramas (C21=3; 27árboles) y cantidad escasa de indumento (C22=2; 20 genotipos) (Tabla 13; Figura 11).

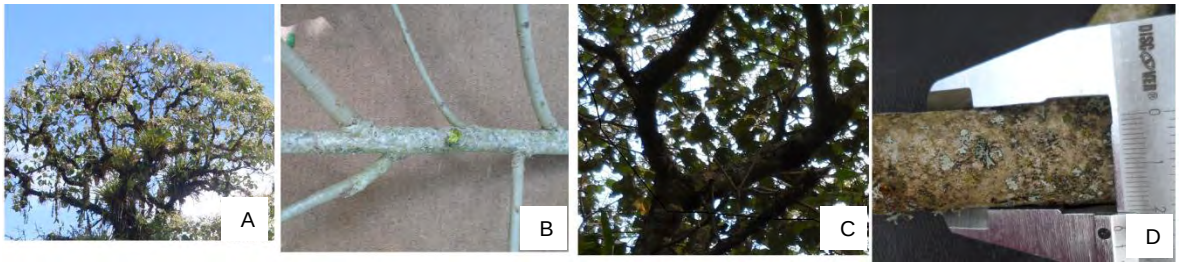


Figura 11. Características predominantes en copa de *Heliocarpus americanus* Watss. A. Copa aparasolada; B. Ramas en espiral; C. Forma arqueada de ramas; D. Color y cantidad de indumento en ramas.

En cuanto a las hojas, las categorías predominantes corresponden a lámina foliar en forma lobada (C23=1; 39 genotipos), de base cordada (C24=1; 46 individuos), ápice agudo (C25=1; 50 árboles), borde aserrado (C26=2; 39 individuos), abúndate indumento en el haz (C27=3; 21 árboles), cantidad media de indumento en el envés (C28=2; 26 genotipos), color 5GY (Verde oscuro) en el haz (C29=2; 26 individuos), color 2,5GY (Verde opaco) en el envés (C30=1; 22 árboles) y ondulación cóncava (C31=1; 25 genotipos) (Tabla 13; Figura 12).

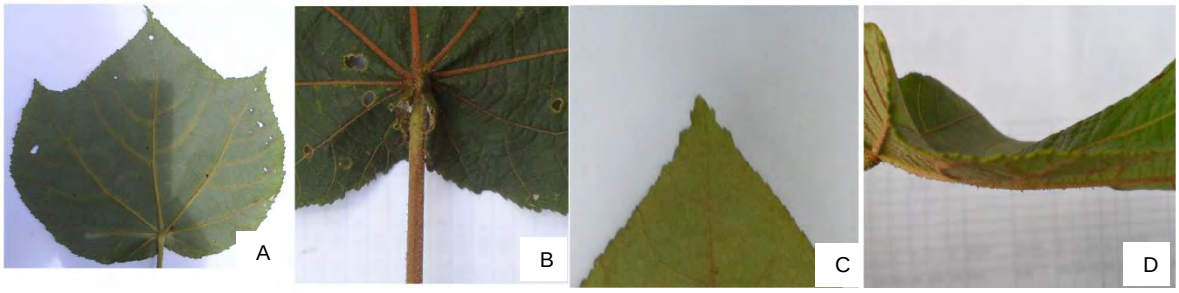


Figura 12. Características predominantes en hojas de *Heliocarpus americanus* Watss. A. Forma lobada de lámina foliar; B. Base cordada; C. Ápice agudo; D. Ondulación cóncava.

En características relacionadas con la flor se destacan las categorías: con pétalos de color crema con código 2,5Y (C32=1; 24 árboles) y con indumento en los sépalos (C33=2; 32 árboles). En frutos sobresalieron las categorías: forma oval (C34=3; 31 individuos), desuniformes en su tamaño (C35=2; 29 árboles), de color rojo código 5R (C36=2; 40 árboles) y con ausencia de frutos deformes (C37=2; 37 árboles). Finalmente, se destacan las semillas de color café oscuro código 5RY (C38=2; 35 árboles) y de forma globosa (C39=2; 30 genotipos) (Tabla 13; Figura 13).

Figura 13. Características predominantes en frutos (A), flores (B) y semillas (C) de *Heliocarpus americanus* Watss.

3.2.2.2. Análisis de los valores propios

El análisis del histograma de valores propios (Tabla 14) permitió establecer que los primeros cinco factores explican en conjunto un 32,66% de la variabilidad debida a las variables cualitativas. El primer factor explica el 7,75%; el segundo, 7,46%; el tercero, 7,05%; el cuarto, explica 5,38%; finalmente el quinto explica 5,01%.

Del análisis de contribuciones de las variables a la conformación de los ejes (Tabla 15), se pudo establecer que las variables que más contribuyeron a la conformación del factor uno fueron: BT (6,7), OEX (7,3), FCP (10,3), DPR (8,8) y OLF (7,7). Las que más aportaron al factor dos fueron: CM (5,4), FC (5,5), MCI (6,3), FR (7,5), DF (8,1), IS (8,2) y FF (6,3); en el factor tres fueron: DF (8,1), CIR (7,6), OLF (11,0), CP (6,5) y FF (6,6), mientras que en el cuatro, las variables: FC (6,2),CEX (8,3), DPR

(13,0), FBLF (6,0), CIHF (5,0) y CLFE (7,4). Finalmente en el factor cinco, fueron: CL (6,4), OEX (5,2), DPR (13,3), FR (9,1) y AF (7,1).

Tabla 14. Contribución porcentual de cinco valores propios del ACM a la variabilidad de *Heliocarpus americanus* Watss. en el departamento de Nariño.

Número	Valores propios	Porcentaje	Porcentaje acumulado
1	0,1656	7,75	7,75
2	0,1593	7,46	15,22
3	0,1505	7,05	22,26
4	0,1149	5,38	27,64
5	0,1071	5,01	32,66

Tabla 15. Contribución de las variables cualitativas evaluadas en los recursos genéticos de *Heliocarpus americanus* Watss., a la conformación de los primeros cinco factores del ACM.

Variable	Contribución acumulada de categorías					Variable	Contribución acumulada de categorías				
	1	2	3	4	5		**1**	**2**	**3**	**4**	**5**
BT	6,7	2,6	4,0	1,0	4,8	**FC**	1,2	5,5	0,7	6,2	3,8
FT	4,8	0,1	2,6	1,7	2,5	**C**	2,9	1,1	0,7	3,2	0,5
DL	4,8	0,0	0,9	0,0	2,7	**MCI**	0,0	6,3	4,6	0,0	1,4
CL	1,9	0,9	2,8	1,5	6,1	**DFCM**	1,1	1,3	1,0	4,0	2,2
CM	0,0	5,4	4,1	0,3	2,3	**OEX**	7,3	3,2	2,8	0,0	5,2
CEX	0,8	2,9	1,6	3,5	1,0	**DPR**	6,2	1,7	2,6	6,4	11,9
FCP	10,3	0,5	3,0	2,9	0,8	**CR**	0,6	0,1	0,8	1,3	2,3
FR	1,9	7,5	2,1	2,6	9,1	**PN**	1,6	3,7	4,9	1,1	1,4
AF	4,5	2,9	1,2	0,5	7,1	**COR**	1,7	4,1	1,2	0,4	5,1
DF	1,7	2,4	4,4	0,6	2,8	**CIR**	1,1	1,9	1,7	2,2	1,5
FLF	1,1	0,1	0,0	3,5	0,2	**FBLF**	0,8	1,1	1,1	6,0	3,4
CIHF	1,5	1,5	0,1	5,0	0,8	**CIEF**	1,7	3,9	2,8	1,7	1,5
CLFH	3,0	0,1	1,5	3,0	1,9	**CLFE**	1,4	0,5	0,6	7,4	1,5
OLF	7,7	3,4	11,0	0,4	1,0	**CP**	3,6	2,0	6,5	4,0	2,9
IS	0,0	8,2	1,6	3,2	0,0	**UTF**	0,6	1,6	1,1	0,6	0,0
FF	1,7	3,0	5,2	0,2	0,1	**CF**	0,5	2,0	2,1	2,9	0,3
CS	2,0	0,4	1,8	1,1	2,5	**FS**	1,5	2,8	1,5	5,2	0,6
DF	1,1	0,4	0,1	0,1	0,5	**BH**	1,3	2,5	4,9	1,0	0,8

3.2.2.3. Análisis de clasificación

El análisis de clasificación basado en las características cualitativas de los recursos genéricos de *H. americanus* caracterizados en el departamento de Nariño, permitió establecer tres grupos (Tabla 16; Figura 14).

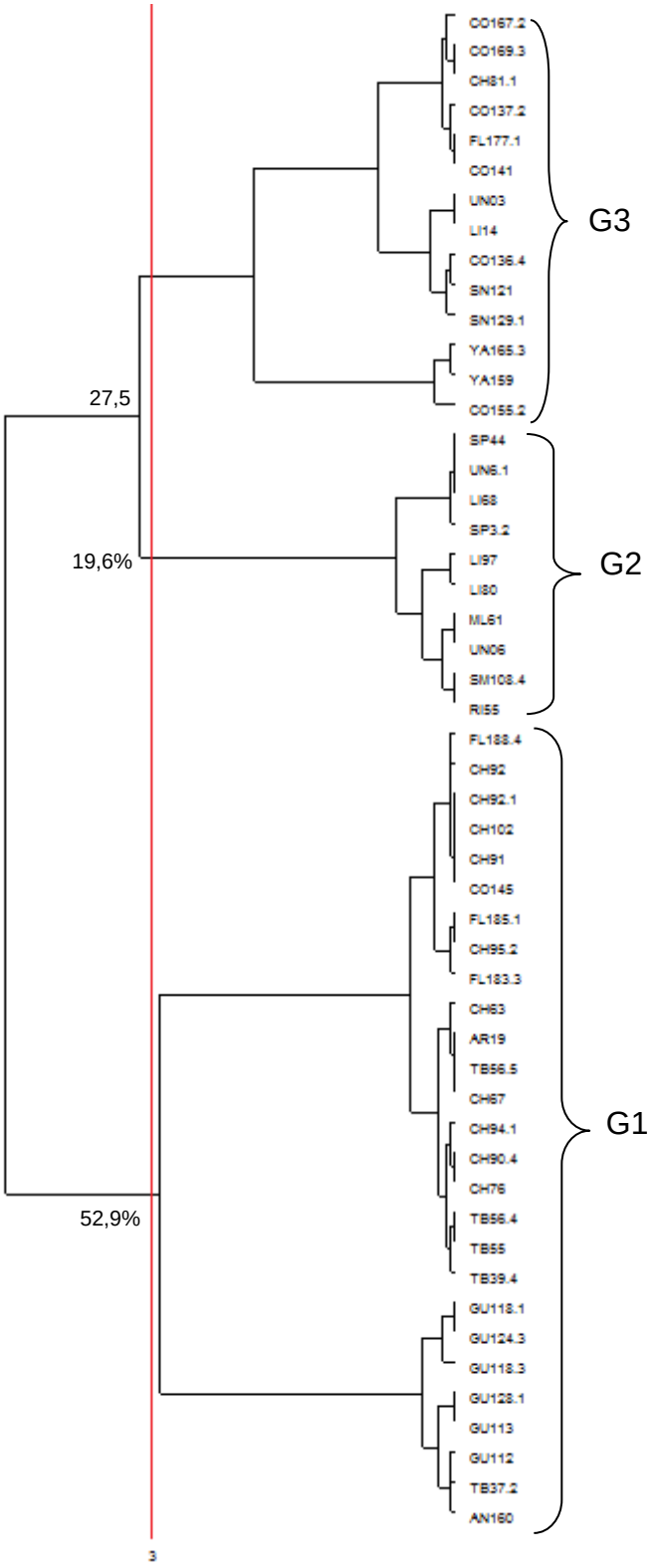
Tabla 16. Participación de los genotipos que conforman cada uno de los grupos en que se dividen los recursos genéticos de *Heliocarpus americanus* Watss., con base en las variables cualitativas.

Grupo	No.	%	Genotipos
1	27	52,9	FL188-4; CH92; CH92-1; CH102; CH91; CO145; FL185-1; CH95-2; FL183-3; CH63; AR19; TB56-5; CH67; CH94-1; CH90-4; CH76; TB56-4; TB55; TB39-4; GU118-1; GU124-3; GU118-3; GU128-1; GU113; GU112; TB37-2 y AN160.
2	10	19,6	RI55; SM108-4; UN06; ML61; LI80; LI97; SP3-2; LI68; UN6-1 y SP44.
3	14	27,5	CO167-2; CO169-3; CH81-1; CO137-2; FL177-1; CO141; UN03; LI14; CO136-4; SN121; SN129-1; YA165-3; YA159 y CO155-2.

El primer grupo, conformado por 27 genotipos representan el 52,9% de los individuos estudiados de los cuales el 95,45% poseen copa aparasolada (C14=2), el 90,48% tienen base de tronco asimétrica (C3=2), el 75% presentan ramas arqueadas (C17=1), el 86,96% exudados oxidados (C12=3), 76,47% ramas dispuestas en espiral (C16=2), el 80% laminas con ondulación cóncava (C31=1), el 65,91% distribución de lenticelas irregular (C5=2), y el 76,92% posee color verde código 5GY en el haz de la lámina folia (C29=2) (Tabla 16 y 17).

El segundo grupo (Tabla 16) estuvo conformado por 10 genotipos que representan el 19,6% caracterizada. El 88,89% de las arboles que conforman este grupo, presentan una ondulación convexa de lámina foliar (C31=3), un 54,55% tienen distribución de follaje aglomerado (C20=1) y el 66,67% presentaron disposición de ramas verticiladas (C16=4) (Tabla 17).

La clase tres está conformada por el 27,5% de los individuos estudiados (14árboles). El 88,89% de esta clase presentan ramas angulosas (C17=3), el 57,89% tiene base empinada de tronco (C3=3) y 83,33% tienen exudados sin oxidación (C12=1) (Tablas 16 y 17).



Grupo 1:FL188-4; CH92; CH92-1; CH102; CH91; CO145; FL185-1; CH95-2; FL183-3; CH63; AR19;TB56-5; CH67; CH94-1; CH90-4; CH76;TB56-4; TB55;TB39-4;GU118-1; GU124-3; GU118-3; GU128-1; GU113;GU112; TB37-2 y AN160.

Grupo 2: RI55; SM108-4; UN06; ML61; LI80; LI97; SP3-2; LI68; UN6-1 y SP44.

Grupo 3:CO167-2; CO169-3; CH81-1; CO137-2; FL177-1; CO141; UN03; LI14; CO136-4; SN121; SN129-1; YA165-3; YA159 y CO155-2.

Figura 14. Dendograma del Análisis de Clasificación Jerárquico con base en variables cualitativas caracterizadas en individuos de *Heliocarpus americanus* Watss. caracterizados en el departamento de Nariño.

Tabla 17. Descripción de los grupos o clases conformadas en el ACM de los recursos genéticos de *Heliocarpus americanus* Watss. del departamento de Nariño.

Var.	Categorías	Test-value	Probabilidad	Porcentajes		
				Categorías en grupos	Categorías en conjunto	Grupos en categorías
Grupo: CLÚSTER 1 / 3 (Número: 27 - Porcentaje: 52,9)						
FCP	C14=2	4,85	0,000	72,41	43,14	95,45
BT	C3=2	3,93	0,000	65,52	41,18	90,48
FR	C17=1	3,82	0,000	93,10	70,59	75,00
OEX	C12=3	3,76	0,000	68,97	45,10	86,96
DPR	C16=2	3,76	0,000	89,66	66,67	76,47
OLF	C31=1	3,04	0,001	68,97	49,02	80,00
DL	C5=2	2,97	0,001	100,00	86,27	65,91
CLFH	C29=2	2,70	0,004	68,97	50,98	76,92
CLFH	C29=3	-2,62	0,004	27,59	45,10	34,78
OEX	C12=1	-2,64	0,004	0,00	11,76	0,00
DPR	C16=4	-2,64	0,004	0,00	11,76	0,00
FR	C17=3	-2,73	0,003	3,45	17,65	11,11
AF	C19=3	-2,82	0,002	17,24	35,29	27,78
OLF	C31=3	-3,59	0,000	0,00	17,65	0,00
BT	C3=3	-4,38	0,000	10,34	37,25	15,79
FCP	C14=3	-4,74	0,000	0,00	25,49	0,00
Grupo: CLÚSTER 2 / 3 (Número: 10 - Porcentaje: 19,6)						
OLF	C31=3	5,16	0,000	88,89	17,65	88,89
DF	C20=1	2,95	0,002	66,67	21,57	54,55
CP	C32=2	2,59	0,005	88,89	45,10	34,78
FCP	C14=3	2,56	0,005	66,67	25,49	46,15
AF	C19=3	2,51	0,006	77,78	35,29	38,89
DPR	C16=4	2,49	0,006	44,44	11,76	66,67
MCI	C11=1	2,48	0,007	100,00	60,78	29,03
IS	C33=2	2,36	0,009	100,00	62,75	28,13
IS	C33=1	-2,36	0,009	0,00	37,25	0,00
MCI	C11=2	-2,48	0,007	0,00	39,22	0,00
FCP	C14=2	-2,72	0,003	0,00	43,14	0,00
OLF	C31=1	-3,08	0,001	0,00	49,02	0,00
Grupo: CLÚSTER 3 / 3 (Número: 14 - Porcentaje: 27,5)						
FR	C17=3	4,15	0,000	61,54	17,65	88,89
BT	C3=3	3,77	0,000	84,62	37,25	57,89
OEX	C12=1	2,77	0,003	38,46	11,76	83,33
IS	C33=1	2,41	0,008	69,23	37,25	47,37
FC	C8=2	-2,34	0,010	7,69	37,25	5,26
BT	C3=2	-2,65	0,004	7,69	41,18	4,76
FCP	C14=2	-2,80	0,003	7,69	43,14	4,55
PN	C18=1	-2,89	0,002	23,08	60,78	9,68
FR	C17=1	-4,63	0,000	15,38	70,59	5,56

A pesar de que las variables que determinaron esta agrupación no tienen relación con la importancia económica y ecológica de la especie, es importante considerar que estas variables cualitativas son las de mayor heredabilidad (Lobo, 2008).

En la Figura 15 puede observarse la ubicación de los genotipos que presentaron una mayor variabilidad, con base en la contribución a los factores uno y dos. Los individuos del factor uno hicieron un mayor aporte en la conformación del grupo dos; aquellos genotipos con aporte positivo en la conformación del factor dos se agruparon en la clase tres, mientras que aquellos que mostraron aportes negativos en la conformación de este último factor, se agruparon en la clase uno. Los resultados obtenidos en estas caracterizaciones hacen presumir la existencia de alta variabilidad genética en la especie, la que puede manifestarse en variaciones en los caracteres morfológicos, especialmente los cualitativos (Ospina, 2000).

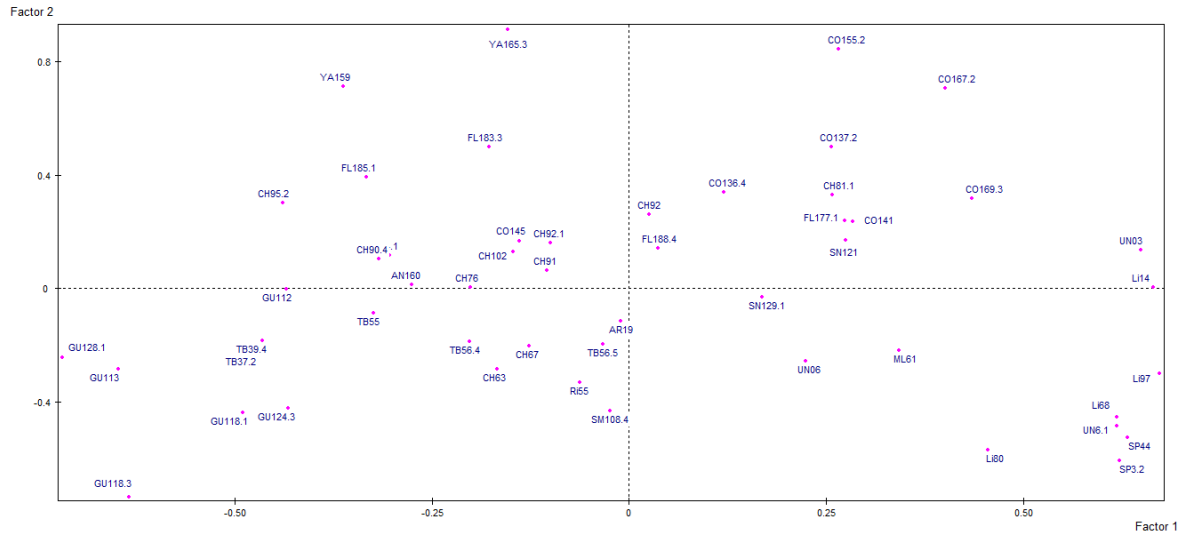


Figura 15. Distribución de las clases y genotipos de *Heliocarpus americanus* Watss. en el plano cartesiano de acuerdo a su aporte en la conformación de los factores uno y dos.

A pesar de que las distancias en las que se hicieron los cortes, para obtener las agrupaciones de los análisis de clasificación con variables cualitativas y cuantitativas son iguales**,** en el ACP se formaron tres grupos y en el ACM cinco, los cuales se conformaron por individuos diferentes y con poca relación. Por ejemplo**,** entre individuos de La Florida (FL177-1 y FL188-4) se obtuvo baja diferencia en caracteres fenotípicos cuantitativos, mientras que en caracteres cualitativos hay mayor distancia, a tal punto que pertenecen a grupos diferentes (Figura 7; Figura 14). Lo anterior, se debe a que el ACP se basa en conocer la relación y semejanza que existe dentro de un grupo de accesiones con respecto a variables cuantitativas, los cuales son de baja heredabilidad y ~~son~~ gobernados por muchos genes. Por su parte, el ACM se basa en el estudio de caracteres de tipo cualitativo los cuales son gobernados por pocos genes, de alta heredabilididad y no se afectan con el ambiente (Franco e Hidalgo, 2003).

3.3. Caracterización molecular

3.3.1. Extracción de ADN

Mediante la metodología de Dellaporta *et al*. (1983) con las modificaciones descritas por Palacio (2004), se obtuvieron concentraciones de ADN de *H. americanus* entre 10 y 45 ng/ul, de baja calidad para la amplificación por PCR de los RAMs. Con el protocolo de Doyle y Doyle (1990), se extrajo ADN en concentraciones de menos de 10 a 15 ng/ul, de buena calidad. Mientras que con la técnica de Saghai-Marrof *et al*. (1984) se obtuvieron concentraciones de ADN de regular calidad por debajo de10 a 20 ng/ul. Finalmente, la extracción mediante el kit comercial GeneJET plant Genomic ADN ®, permitió obtener ADN de buena calidad en concentraciones de25 ng/ul (Figura 16).

Las metodologías empleadas en esta investigación para la extracción de ADN ha permitió obtener ADN en concentraciones y calidad adecuada en especies vegetales como uchuva *Physalis peruviana* (Bonilla *et al.*, 2008 y Lagos, 2006), especies del genero *Theobroma sp* (Moreno *et al.*, 2004), Yacon *Smallanthus sonchifolius* (Mansilla *et al.*, 2006), especies de Passiflora sp (Da Silva *et al.*, 2009). Sin embargo, la extracción del ADN de plantas que contienen grandes cantidades de polifenoles, taninos y polisacáridos ha sido siempre difícil de manejar en el pasado (Webb y Knapp, 1990; Varadarajan y Prakash, 1991).

En *H. americanus* los polisacáridos fueron visualmente evidentes notándose su presencia en la textura pegajosa y aspecto viscoso que presentaba el mix de extracción. La presencia de metabolitos secundarios tales como polisacaridos, inhiben la acción enzimática, la misma que es esencial en el proceso de extracción de ADN (Collins y Symons, 1992)

Según los resultados de esta investigación se sugiere la utilización del kit comercial, donde el 100% de las muestras presentaron una concentración mayor a 20 ng/ul (Tabla 18) y de buena calidad (Tabla 19) en poco tiempo (1 hora).

Tabla 18. Concentraciones de ADN de *Heliocarpus americanus* Watss. obtenidas mediante cuatro metodologías de extracción.

Concentración (ng/µl)	Dellaporta *et al.*(1983)		Doyle y Doyle (1990)		Saghai-Marrof *et al*. (1984)		Kit GeneJET	
	No. Muestras	%	No. Muestras	%	No. Muestras	%	No. Muestras	%
<10	0	0	12	75	14	85	0	0
10-20	6	30	8	25	6	15	0	0
21-30	6	30	0	0	0	0	20	100
31-40	6	30	0	0	0	0	0	0
>41	2	10	0	0	0	0	0	0
TOTAL	20	100	20	100	20	100	20	100

Lo anterior se acredita a que el tampón de extracción usado contiene detergentes y soluciones que aseguran que una cantidad significativa de ADN no sea atrapado en los desechos celulares, y que el ADN esté completamente disociado de proteínas y otros contaminantes que pueda interferir en procesos posteriores (GeneJET plant Genomic).

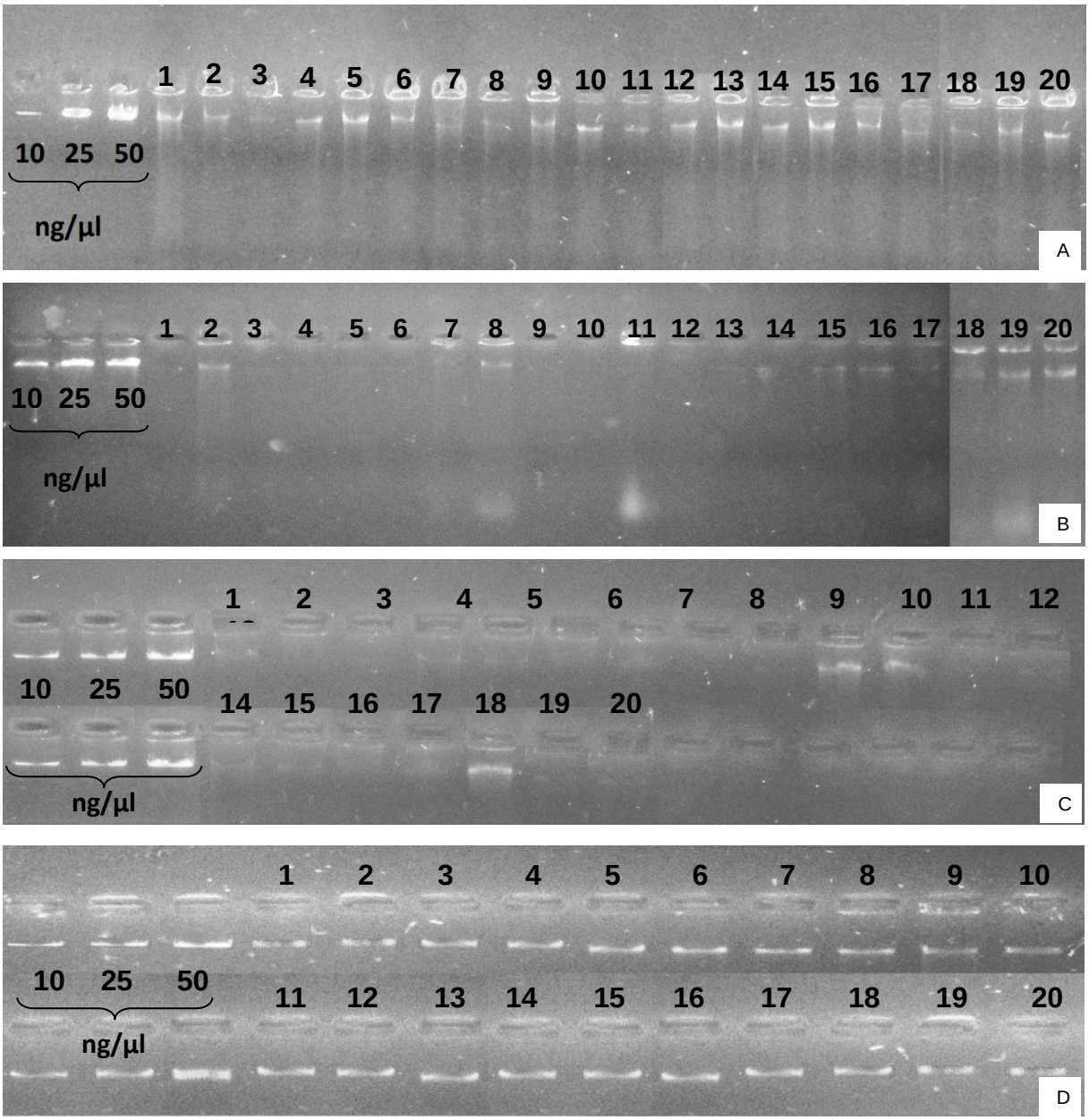


Figura 16. ADN de *Heliocarpus americanus* Watss. extraído mediante diferentes metodologías. A. Dellaporta *et al*. (1983) con modificaciones, B. Doyle y Doyle (1990), C. Saghai-Marrof *et al*. (1984); D. Kit de extracción de ADN comercial (GeneJET plant Genomic ADN ®).

Tabla 19. Calidad de ADN de *Heliocarpus americanus* Watss. obtenido mediante cuatro metodologías de extracción.

Concentración (ng/µl)	Dellaporta *et al.*(1983)	Doyle y Doyle (1990)	Saghai-Marrof *et al*. (1984)	Kit GeneJET
	No. Muestras	No. Muestras	No. Muestras	No. Muestras
Buena	1	4	3	20
Mediana	0	1	0	0
Baja	19	3	3	0

La cuantificación del ADN mediante comparación con concentraciones conocidas del bacteriófago Lambda permitió hacer una estimación de las concentraciones de ADN obtenidas mediante las cuatro metodologías. Esta técnica permite realizar la cuantificación de manera rápida y menos costosa, dado que no requiere la utilización de equipos especializados como espectrofotómetros o fluorómetros (Posso *et al*., 2011).

3.3.2. Características de los cebadores

Para la evaluación de la diversidad genética de la colección se seleccionaron seis cebadores RAMs (CT, CGA, CA, AG, TG y CCA). El Cebador GT no amplificó para ninguna de las muestras, posiblemente por condiciones no apropiadas de PCR para este cebador específico, a pesar de que se hicieron variaciones en tiempos y concentraciones.

Los microsatelites RAMs utilizados en la caracterización generaron un total de 6069 registros de presencia y ausencia de bandas (Anexo 8), de los cuales el 48% corresponde a presencia y el 52% a ausencia. Se encontraron 119 locí, de los cuales el 100% fueron de carácter polimórficos con bandas de 50 a 1500 pb.

Tabla 20. Número de locí polimórficos (L.P), heterosis promedia (HP), heterosis promedia insesgada (HPI), heterosis directa (HD), porcentaje de locí polimórficos con el criterio del 95% (LP 95%), obtenidos en seis cebadores RAMs en 51 genotipos de *Heliocarpus americanus* Watss.

Cebador RAMs	L.P	L.M	total	HP	HPI	HD	LP (95%)
AG	17	0	17	0,35	0,35	0,35	100
CA	17	0	17	0,40	0,40	0,40	100
CCA	17	0	17	0,38	0,39	0,38	100
CGA	19	0	19	0,35	0,35	0,35	100
CT	25	0	25	0,35	0,35	0,35	100
TG	24	0	24	0,42	0,42	0,42	100
Total	119	0	119	0,37	0,38	0,37	98,32

El número de locí polimórficos por cebador varió entre 17para AC, AG y CCA, 19 para CGA, 24 para TG y 25 para CT. El porcentaje de locí polimórfico con el criterio del 95% fue de 98,32% (Tabla 20).

El número de locí polimórfico fue de 119, que corresponde al 100% de los marcadores evaluados. Los más polimórficos correspondieron a TG_9 y $CT_{12,}$ con una diversidad genética o heterocigosidad esperada (*he*) de 0,5. AG_2, CA_1, CA_6, CA_{12}, TG_1, TG_8, TG_{14}, TG_{22}, CT_{13}, CT_{14}, CT_{15}, CT_{22}, CCA_1, CCA_7, CCA_8 y CCA_{12}con 0,49; AG_1, AG_9, CA_{10}, TG_{15} y CT_{19}con 0,48(Anexo 9).

Respecto a la *he* o heterosis promedia insesgada (HPI), los cebadores más polimórficos fueron CA y TG con una HPI de 0,40 y 0,42, respectivamente (Tabla 20). Esto significa que CA y TG pueden ser útiles para obtener una mayor discriminación entre los genotipos de *H. americanus*. Posiblemente, el polimorfismo encontrado con estos cebadores se debe a la mayor probabilidad de encontrar sitios de hibridación con las cadenas de ADN complementarias, evidenciando la presencia de los microsatelites GT y AC (Figura 17).

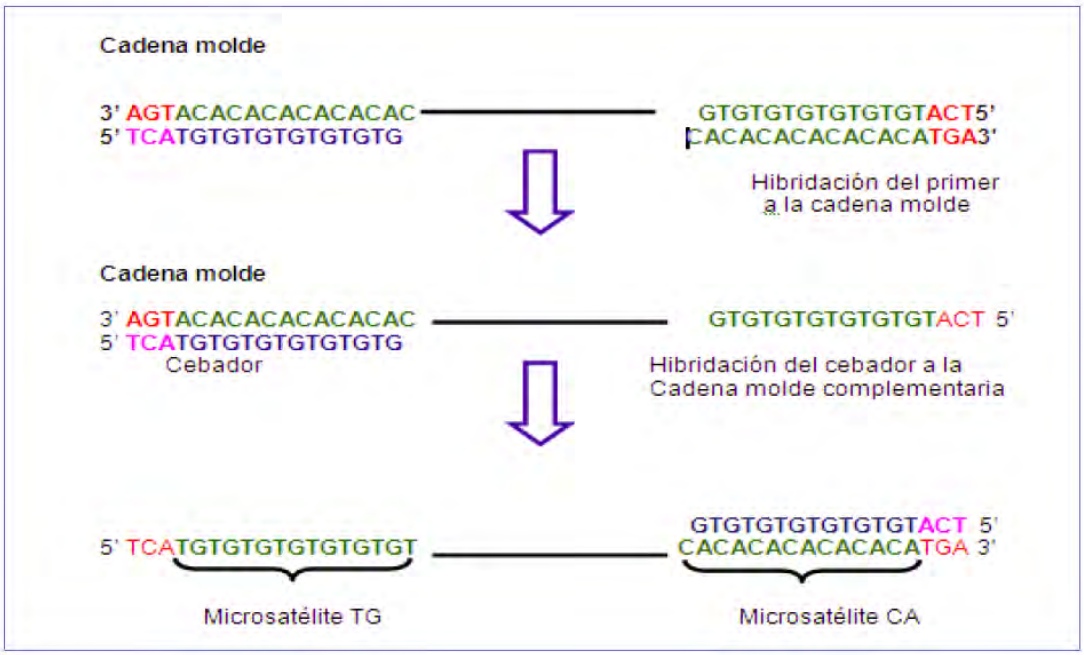


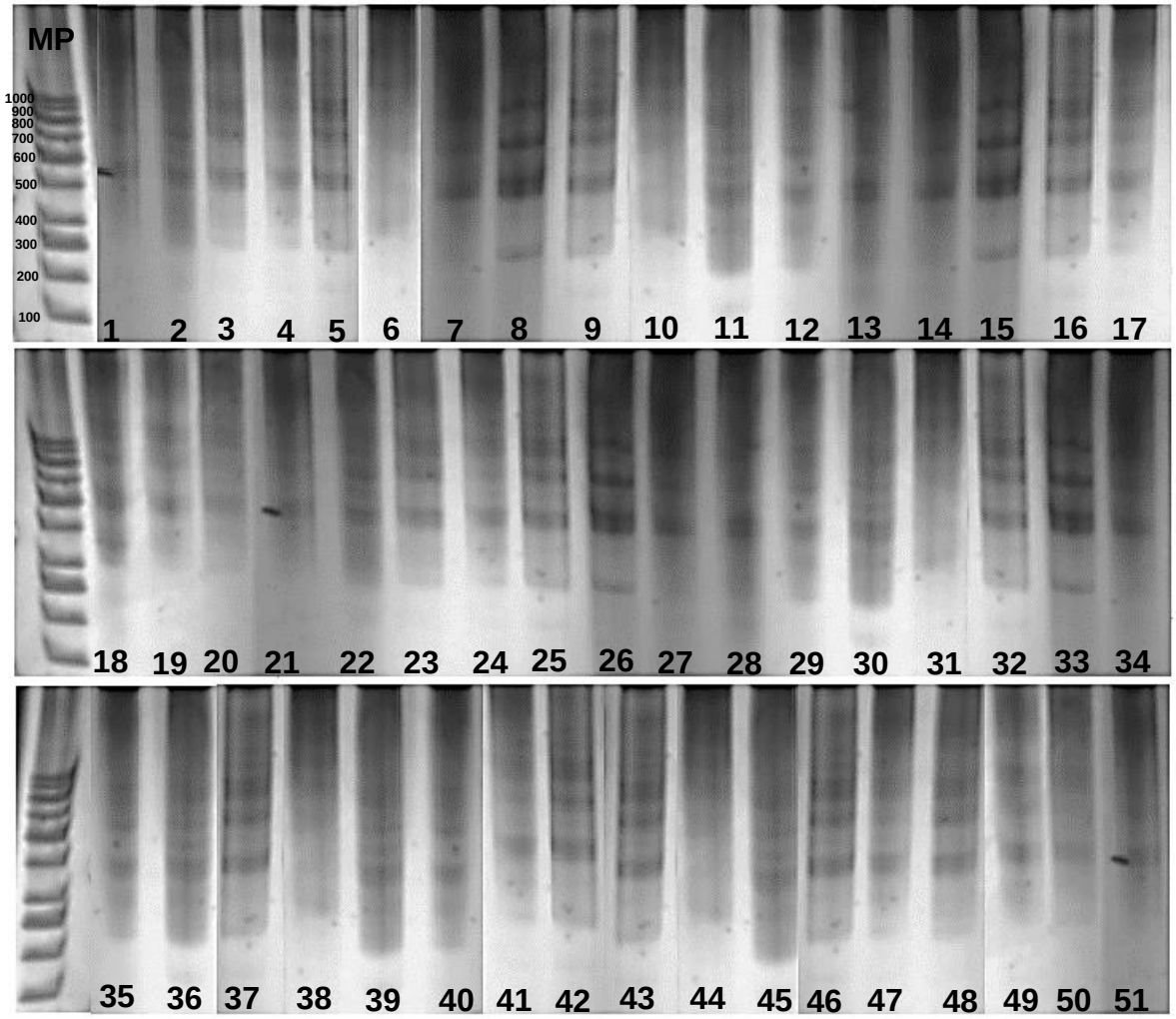
Figura 17. Hibridación del Cebador TG a las cadenas de ADN complementario

En el Anexo 9 se presentan las frecuencias alélicas para cada marcador (locus), siendo la presencia de marcador el "alelo *p*" y la ausencia de marcador el "alelo *q*", obtenidas a través del análisis con TFPGA. Las frecuencias de *p* a través de los 51 genotipos, oscilan entre 0,03 (GT_{24} y CT_{25}) y 0,76 (CCA_{11}).

En este estudio, no se observó la presencia de locí monomórficos (Figura 18). Esto quiere decir, que para los marcadores utilizados, no se encontraron regiones conservadas de ADN en *H. americanus*, puesto que no se han fijado en todo los individuos caracterizados y que la especie en el proceso evolutivo ha sufrido alteraciones como mutaciones, cambios estructurales como inserciones, dilecciones, duplicaciones (Lagos, 2006). Además la naturaleza alogama de la especie (Benavides *et al*., 2014) contribuye a su diversidad genética (Cardone *et al*., 2010). Lo anterior indica que los marcadores usados resulta adecuados para estudios de

diversidad genética, brindando soporte y confianza a los resultados y conclusiones obtenidas a partir del análisis de datos (Posso, 2011).

La *he* estima la probabilidad de que dos alelos extraídos al azar del conjunto de genes de una población sean diferentes y es un estimador de diversidad genética (Rugeles *et al*., 2012. Como puede observarse, todos los cebadores empleados muestra valores altos de *he* (de 0,35 a 0,42 y LP del 100% (Tabla 20), lo cual confirma la naturaleza altamente heterocigota de *H. americanus*.



Dónde: MP = Marcador Peso Molecular

Figura 18. Patrones de bandas de 51 individuos de *Heliocarpus americanus* Watss. obtenidos en los amplificados del microsatélite ACG.

Morillo *et al.*, (2014) evaluaron los mismos seis cebadores en 93 genotipo de cacao (*Teobroma cacao* L.). Estos generaron un total de 127 patrones de bandas distingibles en un rango de longitud de 0,25 a 1,0 Kb. El número de locí polimórfico por cebador varió entre 1 para CCA y 10 para el GT. El porcentaje de locí polimórfico con un criterio de 99% fue de 97,61%. Bonilla y Espinosa (2003) afirman que el número de locí generados en un estudio está muy relacionado con el tipo de gel utilizado en la electroforesis, por ejemplo utilizaron un gel de agarosa del 1,2%, que tiene menos resolución de bandas que el gel de poliacrilamida.

3.3.3. Diversidad Genética

Existen algunos marcadores que son característicos de algunos individuos, en el sentido que el genotipo muestra una alta proporción de locí detectados en un marcador. La más alta proporción (0,92) de la presencia de los locí de TG se obtuvo en GU113, seguida de los locí CT en AN160 con una proporción de 0,84, mientras que AC en CH94-1 y GU118-1 y CCA en CH67 y SN129-1 obtuvieron una proporción de 0,82, finalmente los locí AG en GU118-1 presentaron una proporción de 0,76 (Tabla 21).

Tabla 21. Proporción de la presencia de los seis cebadores RAMs en los 51 individuos de *Heliocarpus americanus* Watss. caracterizados en el departamento de Nariño.

No	Genotipo	AC	AG	TG	CT	CGA	CCA
1	AN 160	0,47	0,41	0,75	0,84	0,42	0,53
2	AR 19	0,47	0,35	0,58	0,48	0,21	0,65
3	CO 145	0,41	0,53	0,25	0,48	0,37	0,53
4	CO 136-4	0,53	0,24	0,67	0,52	0,37	0,59
5	CO 137-2	0,76	0,71	0,38	0,44	0,42	0,53
6	CO 141	0,76	0,65	0,33	0,52	0,16	0,59
7	CO 155-2	0,59	0,47	0,33	0,52	0,32	0,47
8	CO 167-2	0,53	0,41	0,63	0,68	0,37	0,41
9	CO 169-3	0,41	0,47	0,54	0,52	0,47	0,47
10	CH 92	0,35	0,41	0,46	0,56	0,37	0,71
11	CH 92-1	0,59	0,65	0,75	0,68	0,32	0,53
12	CH 81-1	0,53	0,53	0,71	0,40	0,47	0,59
13	CH 102	0,53	0,41	0,33	0,44	0,26	0,59
14	CH 94-1	0,82	0,53	0,58	0,48	0,42	0,53
15	CH 67	0,35	0,53	0,50	0,36	0,37	0,82
16	CH 76	0,24	0,65	0,29	0,44	0,37	0,47
17	CH 63	0,06	0,53	0,50	0,32	0,37	0,59
18	CH 91	0,35	0,53	0,67	0,44	0,53	0,59
19	CH 95-2	0,71	0,35	0,58	0,60	0,42	0,53
20	CH 90-4	0,53	0,35	0,50	0,32	0,47	0,65
21	GU 118-3	0,53	0,29	0,71	0,44	0,42	0,47
22	GU 128-1	0,47	0,29	0,75	0,48	0,47	0,47
23	GU 113	0,47	0,35	0,92	0,48	0,37	0,47
24	GU 112	0,76	0,47	0,83	0,64	0,32	0,47
25	GU 118-1	0,82	0,76	0,50	0,44	0,37	0,35
26	GU 124-3	0,35	0,59	0,50	0,36	0,26	0,47
27	TB 39-4	0,41	0,29	0,63	0,36	0,47	0,35
28	TB 37-2	0,71	0,47	0,42	0,44	0,53	0,59
29	TB 55	0,71	0,65	0,42	0,48	0,42	0,47
30	TB 56-4	0,35	0,47	0,71	0,56	0,63	0,35

Tabla 21. (Continuación)

No	Genotipo	AC	AG	TG	CT	CGA	CCA
31	TB 56-5	0,35	0,35	0,67	0,32	0,26	0,59
32	FL 177-1	0,76	0,12	0,33	0,44	0,37	0,47
33	FL 188-4	0,76	0,59	0,63	0,40	0,32	0,53
34	FL 185-1	0,41	0,29	0,33	0,16	0,32	0,47
35	FL 183-3	0,41	0,35	0,75	0,40	0,42	0,47
36	UN 03	0,47	0,06	0,58	0,44	0,58	0,41
37	UN 06	0,53	0,12	0,67	0,32	0,42	0,53
38	UN 6-1	0,53	0,29	0,88	0,24	0,58	0,59
39	Li 14	0,76	0,29	0,54	0,28	0,53	0,29
40	Li 68	0,41	0,41	0,67	0,52	0,53	0,29
41	Li 80	0,35	0,41	0,63	0,36	0,53	0,24
43	ML 61	0,47	0,24	0,63	0,60	0,58	0,53
44	Ri 55	0,41	0,41	0,38	0,48	0,32	0,59
45	SM 108-4	0,18	0,47	0,50	0,20	0,42	0,41
46	SP 3-2	0,53	0,35	0,58	0,28	0,32	0,59
47	SP 44	0,53	0,65	0,54	0,60	0,42	0,76
48	SN 121	0,59	0,53	0,50	0,36	0,32	0,71
49	SN 129-1	0,53	0,53	0,46	0,44	0,47	0,82
50	YA 159	0,76	0,71	0,67	0,52	0,37	0,41
51	YA 165-3	0,76	0,71	0,79	0,52	0,53	0,29

En algunas ocasiones, el hecho que dos o más genotipos presenten altas proporciones en la presencia de los locí de un marcador, define el grado de distancia o afinidad genética. Por ejemplo AN160 y SM108-4 presentan altas proporciones en la presencia de locí de CA, TG, CT, CGA Y CCA, las cuales oscilan entre 0,37 y 0,92 (Tabla 21).

Esto concuerda, con el bajo valor de distancia de Nei (1978) (Anexo 10) entre los dos ejemplares, el cual es de 0,097. Así mismo, individuos que comparten valores altos y bajos, en las proporciones de un mismo marcador, también presentan bajas distancias de Nei, tal como sucede entre los genotipos YA159 y YA165-3 con 0,204. Las proporciones de los locí de los marcadores que presentan estos árboles son altos para AG (0,71), CA (0,76), TG (0,67 Y 0,79) y CT (0,52) y bajos en CGA (0,37 y 0,53) y CCA (0,41 y 0,29).

La diversidad o variabilidad genética de la población estudiada medida, por la heterosis promedia insesgada (HPI) fue de 0,37 (Tabla 20), la cual es considerada alta, y que para el caso de la especie en estudio es explicable por su sistema de reproducción alogama (Benavides *et al*., 2014), condición que favorece la conservación de un gran porcentaje de heterocigotos, así como el origen geográfico diferencial de los genotipos evaluados.

Los valores de HPI presentados anteriormente son considerados altos, no solo por las razones expuestas, sino también, por la forma de propagación (regeneración

natural) de la mayoría de los arboles caracterizados. En el género *Heliocarpus sp*. no se han reportado estudios de diversidad genética, pero si existen trabajos en otras especies de la familia Malvaceae, como es el caso de *Theobroma sp*. en cuyo género, se ha encontrado un valor de heterocigosidad de 0,28 (Morillo *et al.,* 2014) que el registrado en *H. americanus*, debido a su sistema de cultivo.

La diversidad alélica (o multiplicidad alélica) de un locus, es otro parámetro de variabilidad genética y hace referencia al número de alelos que aparecen en un locus (IPGRI y Cornell University, 2004). Es decir, la medida de la diversidad alélica promedia multilocus, es el número medio de alelos por locus, considerado como locí monomorfico como polimórfico (Berg y Hamrick, 1997).

El número efectivo de alelos por locus (Ae) está dado por el reciproco de la suma de cuadrados de las frecuencias alélicas ($Ae = 1/\sum pi^2$, $1 \leq Ae < \infty$) y es una medida del número de alelos y de uniformidad de frecuencias alélicas en un locus. Más precisamente, mide la uniformidad del alelo más común, porque los alelos raros contribuyen poco a la sumatoria. Debe notarse que puede encontrarse valores iguales de Ae para poblaciones con distribuciones muy diferentes de frecuencias alélicas. Por ejemplo, un Ae de 2,0 pueden darse por frecuencias alélicas (ej: p=0,5, q=0,5), o por más de dos alelos con diferentes frecuencias alélicas (ej: p=0,065, q=0,27, r=0,08) (Berg y Hamrick, 1997; Lagos, 2006).

El valor promedio de Ae para los 119 locí fue de 1,64 ± 0,262 con un mínimo de 0,26 y un máximo de 1,99. En este trabajo, se obtuvo una correlación 0,98 altamente significativa. A medida que aumenta el valor de Ae se incrementa el valor de *he* (Anexo 11). Al valor mínimo de Ae (1,06) le corresponde la mínima el valor mínimo de *he* (0,058), mientras que al máximo valor de Ae (1,99), le corresponde la máxima *he* (0,49; Anexo 9).

Teniendo en cuanta los valores de Ae y *he*, puede concluirse que entre los 51 genotipos de *H. americanus*, existe un alto polimorfismo sustentado en un bajo nivel de domesticación, su sistema de reproducción alógamo y origen geográfico diferencial.

3.3.4. Análisis de clasificación

En la Figura 18 se muestra el dendrograma de agrupamiento UPGMA de los 51 árboles de *H. americanus* caracterizados con 6 marcadores RAMs, el cual se construyó con base en el coeficiente de similitud genética de Nei (1978) como criterio de clasificación.

Como se observa en la Figura 18, el dendrograma está compuesto por 51 nodos. A una distancia de 0,87 se ubica el primer nodo el cual está formado por los individuos GU128-1 y GU113, que presentan una similitud de 0,91. El segundo nodo está a una distancia de 0,28 y está formado por YA159 y YA165-3 los cuales presentan una similitud de 0,82 (Anexo 10). Probablemente, los dos integrantes del primer nodo tengan la misma información genética, que hace que estén emparentados con GU118-3.

Si se hace un corte a una distancia de 0,01 se forman cuatro agrupaciones o clases. La primera clase corresponde al nodo 42, el cual está conformado por los nodos 1, 3, 4 7,11, 17, 21, 25, 26, 30, 32 y 40 que están conformados por GU128-1, GU113, GU118-3, TB56-5, FL183-3, UN03, UN06, UN6-1, Li14, GU124-3, TB39-4, TB56-4, Li68 y Li 80, los cuales presentan distancias que oscila de 0,62 y 0,91 (Anexo 10). Existen otros individuos de los municipios de Guachavez (GU112 y GU118-1), del Tambo (TB37-2 y TB66), La Florida (FL177-1, FL185-1 y FL188-4) y Linares (LI97), que se ubicaron en clases aparte con árboles de otras procedencias. Es importante destacar que el análisis de la clasificación no permitió establecer grupos por origen geográfico. Esta situación evidencia un flujo genético *H. americanus* en estas regiones.

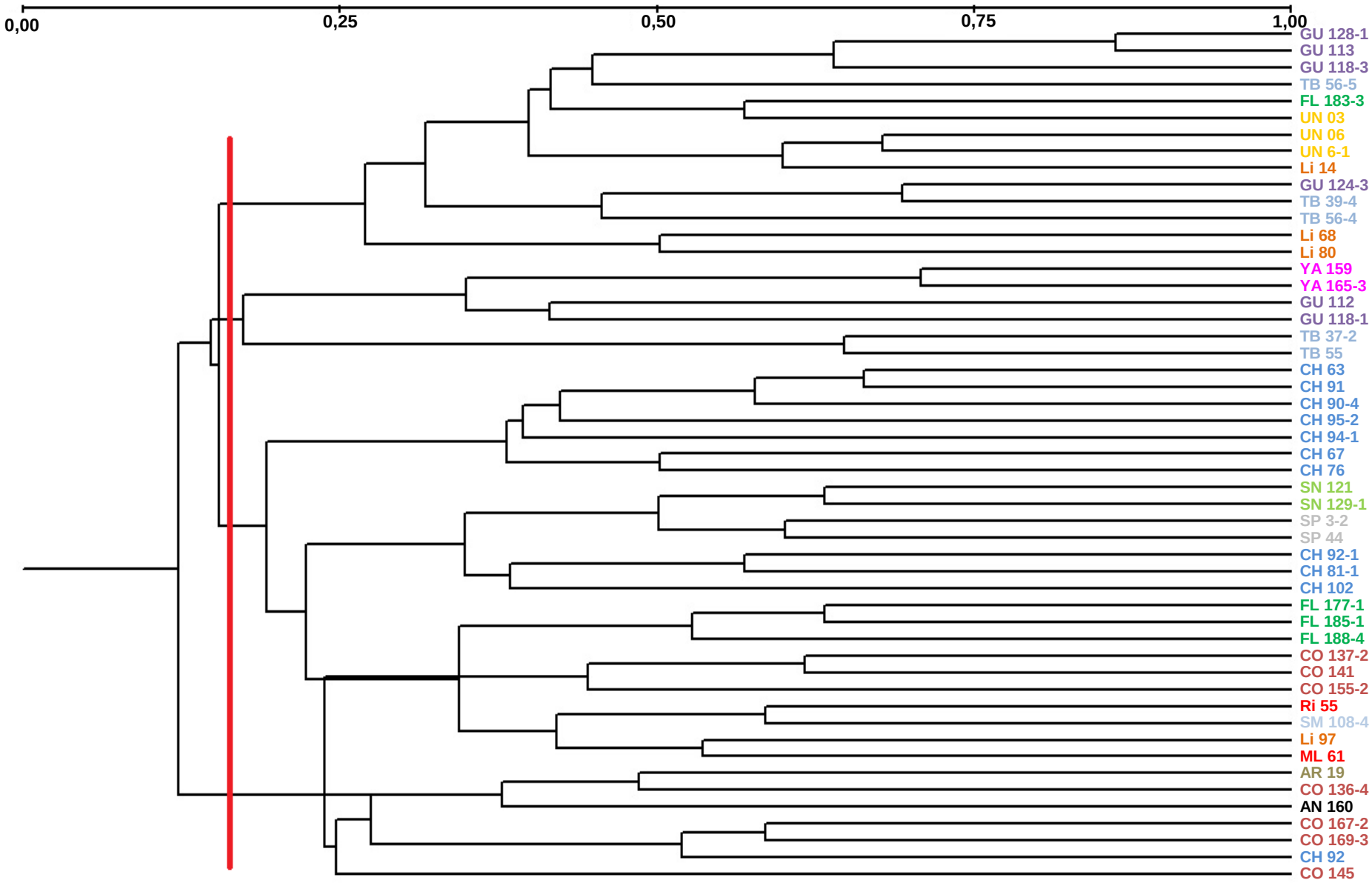
YA159, YA165-3, GU112, GU118-1, TB 37-2 y TB 55 conforman la segunda clase y se ubican en el nodo 48 del dendrograma a una distancia de 0,09 (Anexo 10).

El tercer grupo es el más numeroso, compuesto por 24 individuo, este grupo corresponde al nodo 47 del dendrograma localizado a una distancia de 0,15. De los 24, 10 se comparten con el grupo 4 (FL177-1, FL185-1, FL188-4, CO137-2, CO141, CO155-2, Ri55, SM108-4, Li97 y ML61). Las similitud entre ellos oscilan de 0,52 (CH 63 y ML61) y 0,79 (CH63 y CH91) (Anexo 10).

La clase cuatro tiene como elementos a AR19, CO136-4, AN160, CO167-2, CO169-3, CH92 y CO145, los cuales están muy cercanos a FL177-1, FL185-1, FL188-4, CO137-2, CO141, CO155-2, Ri55, SM108-4, Li97 y ML61 los cuales se comparten con el grupo 3, con una distancia de 0,47 a 0,77. El grupo tres y cuatro se une en el nodo 45 a una distancia de 0,20 (Anexo 10).

En la literatura no se reportan estudios de diversidad genética en *H. americanus*, sin embargo existen reportes de especies de la familia malvácea, como los realizados con *Malva alcea* and *M. excisa*. Su variación genética se analizó usando ISSR (Inter Secuencias Simples Repetidas). El análisis de la información no reveló diferencias significativas en el nivel de diversidad genética, por cuanto los valores de identidad genéticos obtenidos (I= 0.985) no son compatibles con la identificación de las poblaciones orientales como especie biológica distintas, en el análisis de agrupamiento no formaron grupos diferenciales, lo que apunta a una ausencia de diferencias significativas entre los taxones analizados (Celka *et al*., 2012).

Figura 19. Dendrograma del agrupamiento UPGMA para los 51 genotipos de *Heliocarpus americanus* Watss. caracterizados con seis marcadores RAMs.



3.3.5. Análisis espacial de la diversidad

Este análisis agrupa los resultados obtenidos en la distribución geográfica con los de la caracterización morfológica y molecular de *H. americanus* en el departamento de Nariño. Los resultados muestran 10 grupos, en las que se han clasificado individuos que comparten caracteres morfológicos y moleculares según el método de Jaccard (1908) incluido en el programa Diva Gis Versión 7,5 (Figura 20; Tabla 22).

Figura 20. Agrupamiento Jaccard para los 51 genotipos de *Heliocarpus americanus* Watss. caracterizados con descriptores morfológicos cualitativos, cuantitativos y marcadores RAMs.

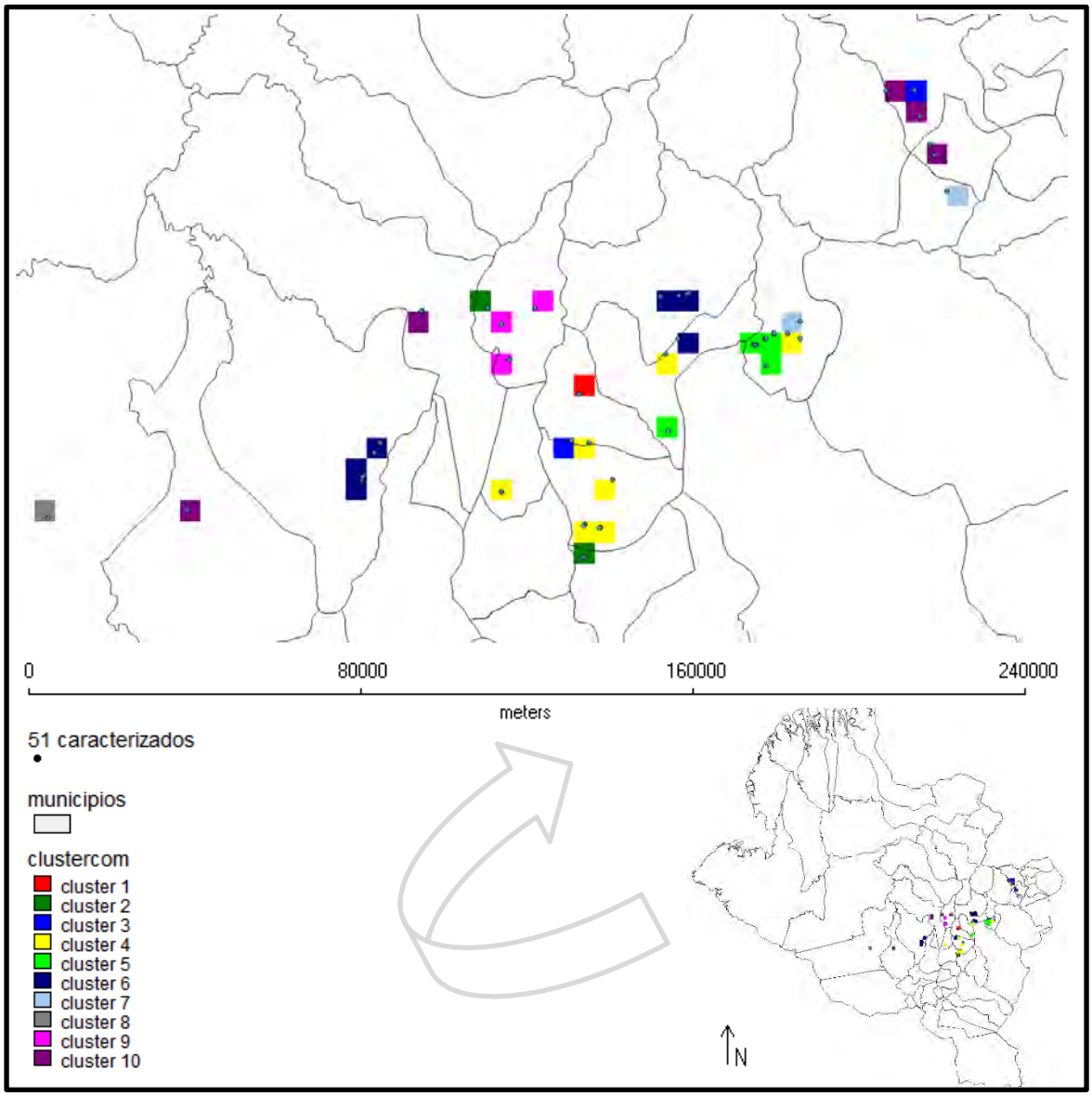


Tabla 22. Agrupación de los genotipos de *Heliocarpus americanus* Wattss con base en los clúster obtenidos con variables cualitativas, cuantitativas y moleculares.

Grupo	%	Genotipos	Caracteres evaluados		
			Clúster cuantitativos	Clúster cualitativos	Clúster molecular
1	1,9	SN129-1	3	3	3
2	5,9	YA159; YA165-3 y LI14	2	3	1 - 2
3	3,9	SN121 y UN03	5	3	1 - 3
4	21,6	CH92; CH81-1; FL177-1; CO141; CO145; CO155-2; CO167-2; CO169-3; CO136-4; CO137,2 y AN160	1 - 2	1 - 3	3 - 4
5	17,7	FL188-4; CH90-4; CH76; CH63; CH67; CH95-2; CH91; CH102 y CH94-1	1 - 2	1	3
6	23,5	GU118-3; GU124-3; GU128-1; GU118-1; GU113; FL185-1; FL183-3; TB56-4; TB56-5; TB55; TB37-2 y TB39-4	1 – 2 - 3	1	1 – 2- 3- 4
7	3,9	CH92-1 y AR19	5	1	4-3
8	1,9	RI55	4	2	3
9	5,9	LI68; LI80 y LI97	5	2	1-3-4
10	13,8	ML61; GU112; SM108-4; SP44; SP3-2; UN6-1 y UN06	1-2-3	1-2	1-2-3-4

Este análisis muestra que no existe una relación significativa entre los agrupamientos formados en la caracterización morfológica, la caracterización molecular y los sitios de procedencia de los genotipos agrupados; esto indica alto flujo de genes entre diferentes genotipos, debido a la polinización cruzada característica de especies alogamas y a que el polen puede viajar kilómetros de una

planta a otra (Fonseca *et al.,* 2010). Además se debe considerar que posiblemente los caracteres cuantitativos varían por la interacción entre en genotipo y el ambiente; sin embargo el ambiente no afecta características cualitativas, como las evaluadas en este estudio (Gonzales *et al*., 2010). No obstante, los datos fenotípicos y, en particular los datos morfológicos, son fuente indirecta de información sobre diversidad genética.

Resultados similares se obtuvieron con otras especies como el Nacedero *Trichanthera gigantea* (Posso *et al.*, 2011), y la Gulupa *Passiflora edulis* (Fonseca *et al.,* 2010), en donde se confirmó la no existencia de relación entre agrupamientos formados mediante análisis molecular, morfologicos y los departamentos de procedencia de los individuos evaluados, lo que les permitió considerar que estos constituyen una sola unidad con poca estructura genética.

Sin embargo es estudio permite identificar la ubicación de las fuentes de material genético para futuros programas de fitomejamiento de la especie por ejemplo para buscar caracteres específicos como grosor de corteza desprendida o de calidad de madera. Adicionalmente, se debe tener en cuenta que la conservación de esta especie es importante en vista de su potencial para la producción de mucilago como para su mejoramiento, y estos estudios se benefician mucho con información sobre distribución y diversidad.

En cuanto a áreas de conservación, los municipios de Chachagui y la Florida contienen la mayor diversidad de la especie, por cuanto en estas áreas se encuentran individuos que se han ubicado en cuatro agrupaciones diferentes (cluster 4, 5, 6 y 7), abarcando mayor diversidad morfológica y molecular.

CONCLUSIONES

Heliocarpus americanus está distribuido a lo largo de la zona andina del departamento de Nariño entre los 1200 y 2500 msnm, con precipitaciones del trimestre más seco de 144mm y temperatura promedia anual de 19.1°C; siendo el municipio del Tambo el que presenta mayor número de individuos. Conjuntando las predicciones hechas por el modelo, se identifican a los municipios de Chachagui y La Florida como los de condiciones ambientales favorables para la especie y la mayor diversidad, por cuanto pueden funcionar como áreas de manejo y conservación, que permitan el posterior aprovechamiento de la especie.

El análisis de clasificación con base en caracteres fenotípicos cuantitativos produjo cinco grupos; con variables cualitativas tres; y con caracteres moleculares cuatro grupos. Estos grupos no presentaron similitud, ni relación con su procedencia geográfica, lo que evidencia alta heterogeneidad de la especies. Siendo información base para programas de conservación, regeneración forestal de recursos naturales productivos y fitomejoramiento.

Los caracteres cuantitativos de mayor aporte a la variabilidad de *H. americanus* son los relacionados con madera, corteza, hojas y frutos; en los cualitativos corresponden a características de tronco, copa y hojas. Esta información brinda, para futuros trabajos de evaluación de diversidad en ambientes iguales, una mayor discriminación de la variabilidad de esta especie.

Se probaron cuatro metodologías para la extracción de ADN de *H. americanus* con diferentes resultados en cuanto a calidad y concentración. Se sugiere utilizar el kit de extracción comercial GeneJET plant Genomic ADN ® ya que permitió obtener mayor cantidad y calidad de ADN en todas las muestras evaluadas; además, es una metodología rápida y de fácil implementación.

Los valores de polimorfismo y heterocigosidad promedia insesgada de *H. americanus* en el departamento de Nariño fueron altos, especialmente los mostrados por los cebadores CA y TG. La mayor distancia genética se presentó entre los individuos GU128-1 localizado en el municipio de Guachavez y CO145 del municipio de Consacá. Lo que indica que estos cebadores son apropiados para futuras investigaciones sobre evaluación de estructura poblacional de esta especie.

BIBLIOGRAFÍA

Abadie, T. y Berretta, A. 2001. Caracterización y evaluación de recursos fitogenéticos. Estrategia en recursos fitogenéticos para los países del Cono Sur PROCISUR. Instituto Interamericano de Cooperación para la Agricultura (IICA), Costa Rica. Pág 8.

Acero, D. 1985. Árboles de la zona cafetera Colombiana. Bogotá, Fondo Cultural Cafetero. 315 p.

Álvarez, G. 2004. Vegetación del territorio CAR, 450 especies de sus llanuras y montañas. Colombia, Panamericana. Cundinamarca- Colombia. 871 p.

Anderson, R.; Lew, D. and Peterson, A. 2003. Evaluating predictive models of species' distributions: criteria for selecting optimal models. Ecol. Model. 162: 211-232.

APG III. 2003. An update of the Angiosperm Phylogeny Groups classification for the orders and families of flowering plants, APG II. Botanical Journal of the Linnean Society. 436 p.

Aroca, A. y Montilla, D. 2006. Evaluación de la propagación vegetativa del Balso blanco *Heliocarpus americanus* H.B.K. en la vereda la Merced, municipio de La Unión departamento de Nariño. Ingeniería Agroforestal. Facultad de Ciencias Agrícolas, Universidad de Nariño, Pasto. 77 p.

Ayres, M. y Quesemberry, K. 2009. Morphological characterization of the USA *Arachis pintoi* Ktap. And Greg. collection. Plant Syst Evol. 277: 1-11.

Bachetta, G. Bueno, A. Jiménez, B. Mattana, E. Piotto, B. y Virevaire, M. 2008. Conservación *ex situ* de plantas silvestres. Principado de Asturias, La Caixa. 378 p.

Baena, M.; Jaramillo, S. y Montoya, J. 2003. Conservación *in situ* de la diversidad vegetal en áreas protegidas y en fincas. Instituto Internacional de Recursos Fitogenéticos. Cali Colombia. 129 p.

Benavides, J. 1998. Árboles y arbustos forrajeros: una alternativa agroforestal para la ganadería. En: Conferencia electrónica de la FAO sobre "Agroforesteria para la producción animal en Latinoamérica. En:www.fao.org/livestock/agap/frg/afris/español/document/agroforl/bnvdes23.htm. Consulta: junio de 2013

Benavides, K. y Lagos, T. 2014. Aspectos de la biología floral y características morfológicas del fruto y la semilla del Balso blanco (*Heliocarpus americanus* L.).

Ingeniería Agronómica. Facultad de Ciencias Agrícolas, Universidad de Nariño, Pasto. 27 p.

Berg, E. and Hamrick, J. 1997. Quantification of genetic diversity at allozyme loci. Canadian Journal of Forest Research. 27: 415-424.

Bernal, H. y Correa, J. 2000. Especies vegetales promisorias de los países de convenio Andrés Bello, Tomo IV ed, Bogotá, Colombia. 299 p.

Bonilla, M.; Espinosa, K.; Posso, A.; Vasquez, H. y Muñoz, J. 2008 Caracterización molecular de 43 accesiones de uchuva de seis departamentos de Colombia. Acta Agronómica 57 (2):109-115.

Borojevic, S. 1990. Principles and methods of plant breeding. Developments in Crop Science 17. Elsevier Sci. Publ. B. V. 368p.

Cardone, S.; Peréz, G. y Picca, A. 2010. Polinización y fertilización in vitro. En: https://www.crops.org/publications/cs/abstracts/37/6/CS0370061951. Consulta: junio de 2013

Cardoso, A. Cagno, M. Cárdenas, P. y Gatto, F. 2013. Contracción, hinchamiento y peso específico aparente de madera de eucalipto colorado (*Eucalyptus tereticornis* Smith) Revista del Laboratorio Tecnológico del Uruguay.5: 5-12.

Cataife, G. 2002. De la selección vegetal a la biotecnología: Economía del germoplasma. Red Internacional de Estudios sobre Sociedad, Naturaleza y Desarrollo. Argentina, Revista Theomai. 6: 16.

Celka, Z.; Szczecińska, M.; Sawicki, J. y Shevera, M. 2012. Molecular studies did not support the distinctiveness of *Malva alcea and M. excisa* (Malvaceae) in Central and Eastern Europe. Biologia-Section Botany. 67 (6):1088-1098.

Cervantes, N. 1992. La familia Malvaceae en el Estado de Jalisco, México. Guadalajara, Jalisco: Universidad de Guadalajara, Instituto de Botánica. 393 p.

Chacon, P.; Lagos, S.; Mora, A. y Morales, M. 2011. Manual para la implementación de la “Estrategia global para la conservación de la especies vegetales. Revista Latinoamericana de Botánica. 7: 64.

Chávez, C. 2004. Catálogo de semillas forestales del banco de germoplasma “El Centinela”. Centro Universitario de Ciencias Biológicas Agropecuarias División de Ciencias Agronómicas, 01; 44.

Cherla, A. 2008. Descriptores para Chirimoyo (*Annona cherimola* M.) Bioversity Intenational, Málaga, España. 58 pág.

Collins, G. y Symons, R. 1992. Extraction of nuclear DNA from grape vine leaves by a modified procedure. Plant Mol. Biol. Rept. 10:233-235.

CONABIO. 2009. Catálogo taxonómico de especies de México. CONABIO, México City. 230 P.

Da Silva, M.; Noronha, M.; Silva, L. y Peixoto, J. 2009. Caracterización genética de especies de *Passiflora* por marcadores moleculares análogos a genes de resistencia. Revista Brasileira de Fruticultura. 32(1): 222-229.
Dellaporta, S.; Wood, J. and Hicks, J.1983. A plant DNA minipreparation, Plant Molecular Biology Reporter 1. 14 (2)19-21.

Díaz, M.; Zappacosta, D.; Franzone, P. y Ríos, R. 2010. Aplicación de la transformación genética al mejoramiento vegetal. Pp. 243-258.En: Biotecnología y mejoramiento Vegetal II. Consejo Argentino para la Información y el Desarrollo de la Biotecnología ArgenBio.

Dörfle, M. 2002. Arboles de Bosque secundario. Proyecto Gran Sumaco, Ecuador. Pág. 30

Douglas, G.; Luster, E.; Galey, D.; Erin, L.; Webwr, P. and Larry, K. 1999. Molecular fingerprinting of weed pathogen utilizing Amplified Fragment Length Polymorphism (AFLP) and Random Amplified Microsatellite (RAMS) PCR. Phytopathology. 89 p.

Doyle, J. and Doyle, L. 1990. A rapid total DNA preparation procedure for fresh plant tissue. 12:13-15.

Duran, N.; Olivares, O.; Navarro, L. y Ortega, C. 2005. Crioconservación de germoplasma de cítricos. Phytoma España: La revista profesional de sanidad vegetal. 170:80-83.

Elith, J.; Graham, C.; Anderson, R.; Dudík. M.; Ferrier, S.; Guisan, A.; Hijmans, R.; Huettmann, F.; Leathwick, J.; Lehmann, A. 2006. Novel methods improve prediction of speciesdistributions from ocurrence data. Ecography, 29; 129-151.

Engels, J. 1995. Descripción sistemática de colecciones de germoplasma. Lectura sobre recursos fitogenéticos. Cali, Consejo Internacional de Recursos Fitogenéticos. 21 pág.

Enríquez, G. 1991. Descripción y evaluación de los recursos genéticos. In: Técnicas para el manejo y uso de recursos genéticos vegetales. Departamento de Recursos Genéticos. Instituto Nacional de Investigaciones Agropecuarias. Quito, Ecuador. 116-144 p.

Escobar, J. 2008. Caracterización morfológica in situ de árboles regionales sobresalientes de cacao *Theobroma cacao*, en los núcleos productivos del municipio de Tumaco-Nariño. Facultad de Ciencias Agrícolas, Universidad de Nariño. Pasto. 71 p.

Espinal, L. 1982. Apuntes sobre flora de la región central del Cauca. Centro de publicaciones Universidad del Valle. Cali. 230 p.

FAO - Organización De Las Naciones Unidas Para La Alimentación Y La Agricultura. 2014. El estado de los bosques del mundo. http://www.fao.org/3/83062d45-aa6d-4fbc-bb88-b3e6d6dcee49/i3710s.pdf

FAO - Organización De Las Naciones Unidas Para La Alimentación y la Agricultura (FAO). 2012. Anuario estadístico de alimentación y agricultura. http://www.fao.org/economic/ess/ess-publications/ess-yearbook/yearbook2012/en/

FAO - Organización De Las Naciones Unidas Para La Alimentación y la Agricultura. 2010. Estado de los recursos genéticos forestales en el mundo. www.fao.org/forstry/fgr/es/

FAO - Organización De Las Naciones Unidas Para La Alimentación Y La Agricultura. 2009. Tratado Internacional Sobre los Recursos Fitogenéticos Para La Alimentación y La Agricultura. www.planttreaty.com

FAO - Organizaciones De Las Naciones Unidas Para La Alimentación Y La Agricultura. 2007. Recursos genéticos forestales. http://www.fao.org/forestry/fgr/es/

Ferreira, J. y Campa, A. 2006. Interés en la conservación de los recursos fitogenéticos. SERIDA. 3: 1-4.

Ferreira, M, y Grattapaglia, D. 1998. Introducción al uso de Marcadores moleculares en el análisis genético, primera edición, embrapa cenargen, Brasilia. 220 p.

Fonseca, N.; Márquez, M.; Moreno, J.; Terán, W. y Schuler, I. 2010. Caracterización molecular de materiales cultivados de gulupa (*Passiflora edulis* f. edulis). Universitas. SCIENTIARUM. On line: www.javeriana.edu.co/universitas_scientiarum. 14 (2-3): 135-140.

Franco, T. e Hidalgo, R. 2003. Análisis estadístico de datos de caracterización morfológica y molecular de Recursos Fitogenéticos. Boletín técnico No. 8. Instituto Internacional de Recursos Fitogenéticos (IPGRI). ISBN: 92-9043-543-7. 89 p.

Furman, B.; Qualset, C.; Skovmand, B.; Heaton, J.; Corke, H. y Wesenberg, D. 1997. Characterization and analysis of North American triticale genetic resources. Crop Sci, 37 (6):1951-1959.

Gálvez, D.; Salvador, M y Meyek, N. 2007. Diversidad morfológica del fruto en germoplasma nativo de mango *Mangifera indica* L. (Anacardiaccac) nativo de Chiapas, México. Edición 24, Cuadernos de Biodiversidad, publicación cuatrimestral del centro iberoamericano de la biodiversidad. 28p.

García, A. 2010. Caracterización de aguacates criollos (*Persea americana*) de los Reyes, Nuevo Parangaricutiro y Tancítaro, Michoacán, México. Universidad Michoacana de San Nicolás de Hidalgo Facultad de Agrobiología. 69 p.

García, T. 2013. Crioconservación de ápices y semillas de Cedro (*Cedrela odorata* L.) mediante las técnicas de vitrificación y deshidratación. Agronomía Costarricense, Costa Rica. 37 (1):113-126.

González, C.; Wang, O.; Strutz, S.; Gonzálesz-Salazar, C.; Sánchez, V. y Sarkar, S. 2010. Climate change and risk of leishmaniasis in North America: predictions from ecological noche models of vector and reservoir species. PLoS neglected tropical diseases, 4 (1): 585.

González, E. 2000. Crioconservación de recursos fitogenéticos. Departamento de Biología Vegetal – Universidad Politécnica de Madrid. 15p.

González, E. 2011. Comparación de dos métodos de selección de árboles superiores en un área semillera de *Abies religiosa* (H.B.K) Schlecht et Cham., en Michoacán. Tesis para obtener el título de Ingeniero Agrónomo especialista en bosques. Universidad Michoacana de San Nicolás de Hidalgo. Uruapan, Michoacán. 72 p.

Graham, J. y Nicol, R. 1995. An examination of the ability of RAPD markers to determine the relationships within and between *Rubus* species. Theor *Appl genet.* 90(8):1128-1132.

Grupo de Investigación en Producción de Frutales Andinos GPFA. 2011-215. "IDENTIFICACIÓN Y EVALUACIÓN PRELIMINAR DEL RECURSO GENÉTICO DE BALSO BLANCO (*Heliocarpus americanus* L.) EN ECOSISTEMAS NATURALES DE ALGUNOS MUNICIPIOS PANELEROS DEL DEPARTAMENTO DE NARIÑO, COMO BASE PARA TRABAJOS DE CONSERVACIÓN Y PREMEJORAMIENTO", Proyecto de Investigación 7062011. GPFA - COLCIENCIAS.

Gual, M. y Moreno, E. 2009. Especie nueva de *Heliocarpus* (Tiliaceae), de la depresión del río Balsas, Guerrero, México. Revista Mexicana de Biodiversidad, Vol. 80 (2): 283-286.

Gutiérrez, B. 2003. Mejoramiento genético y conservación de recursos forestales nativos en Chile. Instituto Forestal. Sistema de Recursos Forestales. 12 (3):145-153.

Hamilton C. 2006. Biodiversity, biopiracy and benefits: what allegations of biopiracy tell us about intellectual property. Developing World Bioethics 3(3):158-173.

Hammer, K.; Arrowsmith, N. and Gladis, T. 2003. Agrobiodiversity with emphasis on plant genetic resources. Naturwissenschaften 90: 241-250.

Hantula, J.; Dusabenyagasani, M. and Hamelin, R. 1996. Random Amplified Microsatellite (RAMS) a novel method for characterizing genetic variation within fungi. *Eur. J. For Path*. 26:159-166.

Hart, G. 1983. The ocurrence of multiple UPGMA phenograms. In Felsenten, J., ed. Numerical taxonomy. NATO ASI series. Springer-Verlog. Berlin, Heidelberg. 61:254-258 pp.

Hernández, R. 1989. Tamaño de la semilla y efecto de la temperatura en la germinación de *Heliocarpus popayanensis* H.B.K. Tevista Forestal Venezolana. 33: 21-42.

Hernández, P.; Franke, I.; Herzog, S.; Pacheco, V.; Paniagua, L.; Quintana, H.; Soto, A.; Swenson, J.; Tovar, C.; Valqui, T. 2008. Predicting species distributions in poorly-studied land-scapes. Biodiversity and Conservation, 17; 1353-1366.

Hidalgo, V. 2013. Conservación in-situ de germoplasma silvestre de papa en la reserva natural Villavicencio. Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Cuyo, Argentina. 94p.

Hijmans, R.; Cameron, E.; Parra, J.; Jones, P. and Jarvis, A. 2005. Very high resolution interpolated climate surfaces for global land areas. En: http://www.worldclim.org/. Consulta: junio 2013.

Hobbs, N. y Hanley, T.1990. Habitat Evaluation: do use/availabity data reflect carrying capacity? The Journal of Wildlife Management 54: 515-522.

Intergovernmental Panel on Climate Change – IPCC. 2014. Climate Change 2014: Mitigation of climate change. Contribution of Working Group III to the Fifth Assessment Report of the Intergovemmental Panel on Climate Change [denhofer, O., R. Pichs-Madruga, Y. Sokona, E. Farahani, S. Kadner, K. Seyboth, A. Adler, I. Baum, S. Brunner, P. Eickemeier, B. Kriemann, J. Savolainen, S. Schlömer, C. von Stechow, T. Zwickel and J.C. Minx (eds.)]. Cambridge University Press, Cambridge, United Kingdom and New York, NY, USA.

IPGRI y Cornell University. 2004. Análisis de la diversidad genética utilizando datos de marcadores moleculares: Modulo de aprendizaje. In: http://web.ecologia.unam.mx/laboratorios/fmolina/pdf/lab/gen/conceptos_basicos_genetica_de_poblaciones.pdf. Consulta: junio de 2013

Jaramillo, S. y Baena, M. 2000. Conservación ex situ de recursos fitogenéticos. Instituto Internacional de Recursos Fitogenéticos (IPGRI). Madrid. 92p.

Kydd, J. 2002. Agriculture and rural livelihoods: is globalization opening or blocking paths out or rural poverty?. Agricultural Research Y Extensión Network AgREN. Networh paper No. 121. 16p.

Lagos, T. 2006. Diversidad genética de 19 accesiones de *Physalis peruviana* L., de la colección de la Universidad de Nariño. Trabajo de ascenso a Profesor Asociado. Facultad de Ciencias Agrícolas. Universidad de Nariño, Pasto. 45 p.

Landa, J.; Mendizabal, L. y Márquez, J. 2008. El mejoramiento genético forestal y las pruebas establecidas en Veracruz. Foresta Veracruzana. 10(1):25-29.

Lobo, M. 2008. Importancia de los recursos genéticos de la agrobiodiversidad en el desarrollo de sistemas de producción sostenibles. Corpoica Ciencia y Tecnología Agropecuaria-Agrobiodiversidad. 9(2):19-30.

Lobo, M.; Valencia, A. y Ligarreto, G. 2010. Estado del arte de los recursos genéticos vegetales en Colombia: Sistema de Bancos de Germoplasma. Corpoica Ciencia y Tecnología Agropecuaria-Agrobiodiversidad. 11(1):85-94.

Macías, M. 1999. Plantas de fibra del género *Heliocarpus* (Tiliaceae) en la Sierra Norte de Puebla. Candollea, Vol. 54 No. 1: 113-123.

Magurran, A. y McGill, B.2011. Biological diversity frontiers in measurement and assessment.Oxford (RU).University Press. 345 p.

Mahecha, G. y Echeverri, R. 1983. Arboles del Valle del Cauca. Litografía Arco. Bogotá, Colombia. 208 p.

Mansilla, R.; López, C.; Bas, R.; Chia, J. y Baudoin, J. 2006. Análisis de la variabilidad molecular de una colección peruana de *Smallanthus sonchifolius* (Poepp & Endl) H. Robison "Yacon". Ecología aplicada. Departamento Académico de Biología, Universidad Nacional Agraria La Molina, Lima – Perú. 5 (2): 75-80.

Martín, I. 2000. Conservación de recursos fitogenéticos. Centro de Recursos Fitogenéticos (CRF)-Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria Alimentaria (INIA). 1-9.

Martínez, E. 1998. Recursos naturales, biodiversidad, conservación y uso sustentable. Botánica y Fitosociología, IADIZA (CONICET). Pág 11-18.

Martínez, M. 1994. Catálogo de nombres vulgares y científicos de plantas mexicanas. Fondo de cultura económica: México. 1241 p.

Michelle, S. 2014. Crioconservación de recurso genético de *Swietenia macrophylla* (CAOBA). Universidad Politécnica de Valencia. Escuela Politécnica Superior de Gandía. 88 p.

Miller, M. 1997. Tools for population genetic analysis (TFPGA) 1.3: A Windows program for the analysis of allozyme and molecular population genetic data. http://herb.bionau.edu/-miller. Consulta: junio 2013

Ministerio de Agricultura y Desarrollo Rural (MADR) - Colombia. 2012. Agronet: http://www.agronet.gov.co/agronetweb1/Estad%C3%ADsticas.aspx. Consulta: 15 de febrero de 2015.

Morales, N. 2012. Modelos de distribución de especies: Software Maxent y sus aplicaciones en Conservación. Revista Conservación Ambiental, 12(1): 1-5.

Moreno, M., Villareal, D. Lagos, T.; Ordoñez, H. y Criollo, H. 2011. Caracterización "in situ" de genotipos silvestres y cultivados de mora *Rubus spp* en el municipio de Pasto. Revista de Ciencias Agrícolas. Vol XXVII (2): 109-128.

Moreno, Y.; Melgarejo, L.; Hernández, L. y Vargas, G. 2004. Caracterización molecular de un banco de germoplasma del género *Thebroma* mediante la técnica RAPD. Revista Colombiana de Biotecnología. 5 (2): 15-24.

Morillo, A.; Villota, D.; Lagos, T. y Ordoñez, H. 2011. Caracterización morfológica y molecular de 18 introducciones de Uchuva *Physalis peruviana* L. de la colección de

la Universidad de Nariño. Revista Facultad Nacional de Agronomía – Medellín. 64(2):6043-6053.

Morillo, Y.; Morillo, A.; Muñoz, J.; Ballesteros, W. y González, A. 2014. Caracterización molecular con microsatélites amplificados al azar (RAMs) de 93 genotipos de cacao (*Theobroma cacao* L.). Agronomia Colombiana 32(3):315-325.

Morillo, Y.; Morillo, A.; Muñoz, J.; Vasquez, H. y Zamorano, A. 2005. Caracterización molecular con microsatélites aleatorios RAMs de la colección de mora, Rubus spp, de la Universidad Nacional de Colombia sede Palmira. Acta Agronomica 54 (2). Pag. 15-24.

Morineau, A. 1998. SPAD, versión 3. Manual de Prise en Main 1998. Saint-Mande (France), Cisia, Ceresta. 285 p.

Mosquera, S., Carrera, J. Y Villada, H. 2007. Variables que afectan la calidad de la panela procesada en el departamento del Cauca. Ingeniero Agroindustrial. Facultad de Ciencias Agropecuarias. Universidad del Cauca, Popayán. 11 p.

Munsell Color. 1975. Munsell Color Charts for Plant Tissues. Munsell Color, Macbeth Division of Kollmorgen Corporation, 2441 North Calvert Street, Baltimore, MD 21218, EE.UU.

Muñoz, J. y Portilla, L. 2005. Caracterización morfológica de plantas de Chilacuán (*Vasconcellea cundinamarcensis* V:M: Badillo) en el municipio de Pasto, departamento de Nariño. Ingeniería Agronómica. Facultad de Ciencias Agrícolas, Universidad de Nariño, Pasto. 177 p.

Muñoz, J.; Morillo, A. y Morillo, Y. 2008. Microsatélites amplificados al azar (RAM) en estudios de diversidad genética vegetal. Revista Acta Agronómica de la Universidad Nacional de Colombia sede Palmira, 57 (4):219-226.

Navarro, A.; Peterson, A.; Nakazawa, Y. y Liebig-Fossas, I. 2003. Colecciones biológicas, modelaje de nichos ecológicos y los estudios de la biodiversidad. En Morrone JJ, Llorente J (Eds.) Una perspectiva latinoamericana de la biogeografía. UNAM-CONABIO. México. pp. 115-122.

Nei, M. 1978. Estimation of average heteroygosity and genetic distance from a small number of individuals. Genetics. 89: 583-590.

Nix, HA. 1986. BIOCLIM, a bioclimatic analysis and prediction system. En CSIRO Division Water and Land Resources Research Annual Report. CSIRO. Canberra, Australia: 59-60.

Norma Técnica Colombiana (A). 2004. Madera. Determinación del peso específico aparente. Editada por el Instituto Colombiano de Norma Técnicas y Certificaciones (ICONTEC), Bogotá, D.C. 7 p.

Norma Técnica Colombiana (B). 2004. Madera. Determinación de la dureza (Método Janka). Editada por el Instituto Colombiano de Norma Técnicas y Certificaciones (ICONTEC), Bogotá, D.C. 6 p.

Norma Técnica Colombiana. 2003. Madera. Determinación de la resistencia a la flexión. Editada por el Instituto Colombiano de Norma Técnicas y Certificaciones (ICONTEC), Bogotá, D.C. 7 p.

Núñez, C. y Escobedo, D. 2011. Uso correcto del análisis clúster en la caracterización de germoplasma vegetal. Agronomía Mesoamericana, Universidad de Costa Rica. 22, (2) 415-427.

Organización Para La Educación y Protección Animal (OpEPA). 2013. Balso Blanco *Heliocarpus americanus*. Disponible en: http://www.opepa.org/index.php?option=com_content&task=view&id=573&Itemid=30 . Consulta: junio, 2014.

Ortiz, M. 2005. Diagnostico ecológico y económico del Balso blanco (*Heliocarpus americanus* Watss) utilizado en la purificación de la panela en el municipio de Samaniego, Departamento de Nariño. Ingeniería Agroforestal. Facultad de Ciencias Agrícolas, Universidad de Nariño, Pasto. 72p.

Osorio, G. 2007. Manual Técnico: Buenas prácticas agrícolas (BPA) y buenas prácticas de manufactura (BPM) en la producción de caña panelera. FAO, Gobernación de Antioquia, CORPOICA Centro de Investigación “La Relva”. 200 p.

Ospina, S. 2000. Caracterización de la variación genotípica en la composición química y digestibilidad de Thichanthera gigantea. Tesis de grado Zootecnia. Palmira Colombia. Universidad Nacional de Colombia sede Palmira, Facultad de Ciencias Agropecuarias. 129 p.

Palacio, J. 2005. Estudio comparativo de la diversidad genética y divergencia evolutiva entre la especie vulnerable *Colombobalanus excelsa* (Lozano et at.) Nixon & Crepet y el roble común *Quercus humboldtti* Bondpl: implicaciones para la biología de la conservación. Tesis de maestría Universidad Nacional de Colombia Sede Palmira. 108 p.

Pearson, R. 2007. Species distribution modeling for conservation educators and practitioners. Synthesis. American Museum of Natural History. Disponible en http://ncep.amnh.org.

Pearson, R. y Dawson, T. 2003. Predicting the impacts of climate change on the distribution of species: are bioclimate envelope models useful? Global Ecology and Biogeography, 12: 361-371.

Pérez, A. 1996. Plantas útiles de Colombia. Bogotá, Edición del Centenario. 831 p.

Phillips S.J. y Dudík M., 2008. Modeling of species distributions with Maxent: New extensions and a comprehensive evaluation. Ecography, 31(31(2)):161–175.

Phillips, S.; Anderson, R. and Schapire, R. 2006. Maximum entropy modeling of species geographic distributions. Ecological Modelling, 190 (4):231-259.

Pingali, P. 2006. Agricultural growth and economic development: a view through the globalization lens. Organización De Las Naciones Unidas Para La Alimentación y la Agricultura. 35p.

Pliscoff, P. y Taryn, F. 2011. Modelación de la distribución de especies y ecosistemas en el tiempo y en el espacio: una revisión de las nuevas herramientas y enfoques disponibles. Revista de Geografía Norte Grande, 48: 61-79.

Polaco, M. 2011. Caracterización morfológica y molecular de materiales de Yacón (*Smallanthus sonchifolis* Poep. & EndI) H. Robinsón colectados en la eco región eje cafetero de Colombia. Universidad Nacional de Colombia, Facultad de Ciencias Agropecuarias, Palmira. 92p.

Posso, A. 2011. Diversidad genética y estructura poblacional de *Guagua angustifolia* Kunth en el eje cafetero colombino. Universidad Nacional de Colombia. Facultad de Ciencias Agropecuarias. Pág 98.

Posso, A.; Cardenas, H.; Murgueitio, E.; Leterme, P. y Muñoz, J. 2011. Diversidad genética de accesiones de nacedero *Trichanthera gigantea* (Humb. & Bonpl.) Nees, mediante RAM'S (Random Amplified Microsatellites). ACTA AGRONÓMICA. 60 (2): 120-131.

Prada, I. 2002. Mejoramiento de la calidad de la panela a través del sistema de limpieza de jugos para pequeños y medianos productores, Bogotá, Colombia. 21 p.

Pritsch, C. 2001. Caracterización y evaluación de recursos genéticos. En: Estrategia en recursos fitogenéticos para los países del Cono Sur, Procisur. Instituto Interamericano de Cooperación para la Agricultura IICA, Montevideo. 111 p.

Querol, D. 1988. Recursos genéticos. Nuestro tesoro olvidado. Lima: Industrial gráfica. 288 p.

Quintana, C. 1989. Elementos de inferencia estadística. Editorial de la Universidad de Costa Rica. San José, Costa Rica. 144 pág.

Ramos, J. 2014. Avances de la micropropagación *in vitro* de plantas leñosas. Biotecnología agraria, Universidad Nacional Abierta y a Distancia (UNAD), Bogotá. 83 p.

Rendón, F. y Lagos, T. 2015. Comportamiento mitótico y meiotico del Balso blanco (*Heliocarpus americanus* L.). Ingeniería Agroforestal. Facultad de Ciencias Agrícolas, Universidad de Nariño, Pasto. 26p.

Richter, H. and Dallwitz, M. 2009 Onwards. Commercial timbers: descriptions, illustrations, identification, and information retrieval. En: http://delta-intkey.com'. Consulta: junio de 2013

Rincon, R. y Gutierrez, F. 2008. Características biológicas de *Acaciella anguatissima* (Mill.) Britton y Rose en su hábitat natural y evaluación de su potencial cortical en Chiapas, México. Agrociencias 42:129-137.

Robert, J.; Guarino, L.; Bussink, C.; Mathur, P.; Cruz, M.; Barrantes, I. y Rojas, E. 2009. Sistema de Información Geográfica para el Análisis de Datos de Distribución de Especies. DIVA-GIS. Univerty of California.

Robyns, A. 1964. Flora of Panama: part IV, family 114. Tiliaceae. En: Annals of the Missouri Botanical Garden. Vol. 51: 3-35 p.

Rotondi, A.; Magli, M.; Ricciolini, C. and Baldoni, L. 2003. Morphological and molecular analyses for the characterization of a group of Italian olive cultivars. Euphytica. 132:129-137.

Rueda, A.; Palacio, J.; Muñoz, J.; Saavedra, R. y Bravo, E. 2006. Caracterización molecular del banco de germoplasma de guayaba *Psidium spp.* Del centro de investigación Corpoica-Palmira. Fitotecnia Colombiana. 6(2):26-32.

Rugeles, P.; Posso, A.; Londoño, X.; Barrera, N. y Muñoz, J. 2012. Caracterización molecular de *Guadua angustifolia* Kunth mediante marcadores moleculares RAMs. ACTA AGRONOMICA. 61 (4):325-330.

Ruiz, M. 2003. El tratado internacional de recursos fitogenéticos y la decisión 391 de la comunidad andina de naciones: Perú, la Región Andina, y los Centro Internacionales de Investigación Agrícola. Sociedad Peruana de Derecho Ambiental (SPDA). 55 p.

Saghai-Marrof, M.; Soliman, K.; Jorgensen, R.; Allard, R. 1984. Ribosomal DNA spacer-length polymorphisms in barely: Mendelian inheritance, chromosomal location, and population dynamics. Proc Natl Acad Sci USA 81:8014-8018.

Salinas, N.; Armijos, V.; Jiménez, P. y Proaño, K. 2011. Caracterización y estudio de la diversidad genética del Piñon (*Jatropha curcas*) mediante el uso de marcadores moleculares. Revista Ciencia. 14 (1):31-40.

Sanabria, H.; García, M.; Muñoz, J. y Díaz, H. 2006. Caracterización molecular con marcadores RAM de árboles nativos de *Psidium guajava* (Guayaba) en el Valle del Cauca. Universidad Nacional de Colombia. Palmira. 12 p.

Sanders, R. 2010. Agriculture, agricultural biodiversity and sustainability. Bioversity International; Italy. ISBN: 978-92-9043-857-1. 16 p.

Scheldeman, X. y Zonneveld, M. 2011. Manual de capacitación en análisis espacial de diversidad y distribución de plantas. Bioversity International, Roma, Italia. ISBN 978-92-9043-908-0. 186 p.

Seguel, I.; León, P. y Condón, F. 2001. Conservación ex situ de los recursos fitogenéticos. Estrategia en los recursos fitogenéticos para los países del cono sur PROCISUR. 3: 42-58.

Serna, D. 1999. Biotecnología vegetal y conservación. Cuaderno de Biodiversidad, publicación cuatrimestral del centro iberoamericano de la biodiversidad. ISSN: 1575-5495. Pag 9-12.

Soberon, J. y Peterson, A. 2005. Interpretation of models of fundamental ecological niches and species" distributional áreas. Biodiversity Informatics, 2: 1-10.

Solares, F.; Mata, J.; Vargas, J.; Hernández, M.; Hernández, S. y Rodríguez, C. 2006. Capacidad de regeneración en grosor y lateral en corteza de Cuachalalate (*Amphipterygium adstringens* Schiede ex Schlect.) en el estado de Morelos. Ra Ximhai, Universidad Autónoma Indígena de México Mochicahui, El Fuerte, Sinaloa. ISSN: 1665-0441. 2(2): 481-495.

Stiles, F. 2000. Curso muestreo y análisis estadístico en investigaciones biológicas. Pasto, Universidad de Nariño. 153 p.

Téllez, O. y Dávila, P. 2003. Protected areas and climate change: A case study of the cacti in the Tehuacán-Cuicatlán Biosphere Reserve, México. Cons. Biol. 17: 846-853.

Thomson, L.; Graudal, L. y Kjaer, E. 2002. Conservación y ordenación de recursos genéticos forestales: En bosques naturales ordenados y áreas protegidas (*in situ*). FAO, Centro de Semillas de Árboles Forestales de Danida (CSFD) e IPGRI (Instituto Internacional de Recursos Fitogenéticos). 105 p.

Thuiller, W.; Lafourcade, B.; Engler, R. y Araujo, M. 2009. BIOMOD a platform for ensamble forecasting of species distributions. Ecography 32: 369-373.

Valverde, L. y Rincón, A. 2008. Anatomía de la madera de 3 especies de la familia Tiliaceae en Venezuela (*Apeiba tibourbou, Goethalsia meiantha y Heliocarpus popayanensis*). Agricultura Andina, Mérida (Venezuela). 14: 85-99.

Varadarajan, G. y Prakash, C. 1991. A rapid and efficient method for the extraction of total DNA from the sweet potato and its related species. Plant Mol. Biol. Rept. 9(1):6-12.

Vásquez, C., Uribe, A., Y Álvarez, J. 2006. Propagación por estacas juveniles del Balso Blanco (*Heliocarpus americanus* L. Sin. *H. popayanensis*) utilizando propagadores de sub-irrigación. Rev. Fac. Nal. Agr. Medellín. 59(2): 3479-3498.

Vázquez, C. y Orozco, A. 1982. Seed germination of a tropical rain forest pioneer tree (*Heliocarpus donnell-smithii*) in response to diurnal fructuation of temperatura. Physiol. Plant. 56: 295-298.

Webb, D. y Knapp, S. 1990. DNA extraction from a previously recalcitrant plant genus. Plant Mol. Biol. Rept. 8:180-185.

Weisstein, E. 2011. Correlation coefficient. MathWold – A Wolfram. En: http://mathworld.wolfram.com/CorrelatiónCoefficient.html. Consulta: junio 2013.

Zevallos, P. y Flores, Y. 2003. Caracterización morfológica de plántulas de “Uña de gato” *Uncaria tomentosa* (Willdernow ex Roemer y Schultes) D.C. y *U. guianensis* (Aublet) Gmelin del bosque nacional Alexander Von Humboldt. Ecología aplicada Vol 2 (1):1726-2216.

Zietkiewicz, E.; Rafalsfi, A. and Laubuda, D. 1994. Genome fingerprinting by simple sequence repeat (SSR) anchored polymerase chain reaction amplification Genomics 20: 176-183.

Zizka, G.; Schmidt, M.; Schulte, K.; Novoa, P.; Pinto, R. y Konig, K. 2009. Chilean Bromeliaceace: diversity, distribution and evaliation of conservation status. Biodiversity and Conservation, 18; 2449-2471.

ANEXOS

Anexo 1. Descriptores morfológicos de Balso blanco (*Heliocarpus americanus* Watss.)

Descriptores de recolección (datos de pasaporte)

Número de recolección: Número original asignado por los recolectores de la muestra, normalmente compuesto por el nombre o iniciales del colector seguido por un número. Este número es esencial para identificar los duplicados que se encuentren en colecciones diferentes.

Número de introducción: código designado que simboliza a cada uno de los individuos colectados.

Institución recolectora: Nombre y dirección de la institución que realiza la recolección.

Nombre del(os) colectores: Personas que efectuaron la recolección del individuo.

Fecha de colección: Fecha de recolección de la muestra, en la que AAAA es el ano, MM el mes y DD el día. Los datos que falten (MM o DD) tienen que indicarse con guiones. Se requieren los ceros antes de los dígitos.

País de origen: Código del país donde se recolecto la muestra original. Utilizar los códigos ISO 3166-1 de tres letras para nombres de países (Colombia 170 COL).

Departamento: Nombre de la subdivisión administrativa primaria del país en el que se recolecto la muestra.

Municipio: Nombre de la subdivisión administrativa secundaria (dentro de un departamento) del país en el que se recolecto la muestra.

1. Ancuya
2. Arboleda
3. Consacá
4. Chachagui
5. Guachavez
6. El Tambo
7. La Florida
8. La Unión

9. Linares
10. Mallama
11. Ricaurte
12. Samaniego
13. San Pedro de Cartago
14. Sandoná
15. Yacuanquer

Vereda: Nombre de la información sobre la ubicación, dentro del país, en la que se describe donde se recolecto la accesión. Puede incluir la dirección o la distancia en kilómetros desde la ciudad, corregimiento o el punto de referencia cartográfica más cercano.

Latitud del sitio de recolección: Grados (2 dígitos), minutos (2 dígitos) y segundos (2 dígitos), seguidos de N (Norte) o S (Sur).

Longitud del sitio de recolección: Grados (2dígitos), minutos (2 dígitos) y segundos (2 dígitos), seguidos de W (Oeste) o E (Este).

Elevación del sitio de recolección: La elevación (o altitud) del sitio de recolección se expresa en metros sobre el nivel del mar.

Estado:
1. Cultivado
2. Regeneración natural

Fuente (o procedencia) de recolección o adquisición:
1. Asociado a cultivos
2. Borde de carretera
3. En bosque secundario o bosque primario
4. Pradera (pastizal)
5. Ronda hídrica
6. Jardín o huerto
7. Cerca viva
8. Barbecho (tierra en descanso o rastrojos)

Donante: Nombre del propietario del predio de donde se toman las muestras o de la entidad que se encuentre a cargo.

Descriptores ambientales del sitio

Tipo de agricultura de la zona (TAG):
1. Cultivos anuales
2. Cultivos perennes

3. Árboles y arbustos naturales
4. Rastrojo

Vegetación circundante en el sitio (VGAS):
1. Pradera (pastizal)
2. Bosque y arboleda (Estrato continuo de árboles, superposición de copas de los árboles, gran número de árboles y arbustos en estratos distintos - estrato continuo de árboles, generalmente no se tocan las copas, puede haber estratos de vegetación secundaria)
3. Matorral (Especies herbáceas y arbustos pequeños)
4. Cultivos (Producción agrícola anual y perene)

Disponibilidad de agua (DA):
1. Orillas de rio, quebrada o acequia.
2. Secano
3. Empantanado o Inundado

Descriptores para la caracterización morfológica de Balso blanco (*Heliocarpus americanus* Watss.)

CARACTERÍSTICAS DEL TRONCO

- **CUALITATIVAS:**

Base del tronco (BT)
1. Simétrica
2. Asimétrica
3. Empinada

1. Simétrica **2. Asimétrica** **3.**

Forma del tronco (FT):
1. Cilíndrico
2. Cónico
3. Irregular

1. Cilíndrico **2. Cónico** **3. Irregular**

Distribución de lenticelas (DL):
1. Ordenada
2. Irregular

Color de lenticelas (CL): De acuerdo a los colores codificados en la tabla de Munsell (1975) para órganos vegetales, se usaran las siguientes categorías:
1. Página 2,5Y colores 6/4; 7/6; 7/8; 8/2 y 8/4
2. Página 5Y colores 8/2 y 8/4
3. Página 5YR 6/2; 6/4; 7/2; 7/6; 8/2; 8/4 y página 2,5YR color 5/8
4. Página 7,5 YR colores 6/4; 6/8; 7/2; 7/4; 7/6; 8/2 y 8/4

Color de la madera (CM): De acuerdo a los colores codificados en la tabla de Munsell (1975) para órganos vegetales, de identifica el color de una muestra de madera tomada de una rama:
1. Página 2,5Y colores 7/2; 7/4 y 7/6
2. Página 5,5Y colores 8/2; 8/4 y 8/6
3. Página 7,5YR color 8/4

- **CUANTITATIVAS**

Diámetro de base (DB): Se mide en diámetros con una cinta métrica.

Diámetro normal con corteza a 1.30 m (DNC): Se mide en diámetros con una cinta métrica.

Altura total (AT): Se mide en metros (m) con un hipsómetro.

Altura del fuste limpio (AFL): Se mide en metros (m) con un hipsómetro.

Dureza de la madera (DZM): De acuerdo a la metodología de Brinell (Norma Técnica, 2003), Se toma a una probeta cubica, se deja secar en horno a 70°C por 24 horas y se trata de penetrar una semiesfera totalmente de 5mm sobre su superficie tangencial aplicando una carga de 200Kg, se debe registrar el valor de carga-deformación. Los valores de la penetración se expresan en deca-Newtons. Se realizan 4 repeticiones y se promedia.

Peso específico aparente de la madera (PSM): Se toma una rama, se deja secar en horno por 24 horas a 70°C, y pesa 3cm^3 de su madera en una balanza analítica. Se realizan 4 repeticiones y se promedia.

El peso específico aparente se calcula mediante l siguiente ecuación:
PE = P/V
Donde:
PE= peso específico aparente, en gramos por centímetro cúbicos (g/cm^3)

P = peso de la probeta, en gramos (g)
V = volumen de la probeta, en centímetros cúbicos (cm^3)

Resistencia a la flexión de madera (RF): se toman secciones cuadradas con un espesor de 0,5 cm, 2 cm de ancho y 18 cm de longitud, tomado de forma paralela al eje longitudinal de la madera, la sección de madera se colocará sobre dos soportes y se aplica la carga en el centro. La sección sebe cargarse en forma continua y constante para obtener una deformación, hasta la rotura, registrándose la deformación y la carga correspondiente en cuatro repeticiones (Norma Técnica, 2003).

La resistencia a la flexión se calcula mediante la siguiente ecuación:

$$\sigma máx = 3PL/2ae^2$$

Donde:
σmáx = resistencia máxima a la flexión, en kilogramo por centímetro cuadrado.
P = carga de rotura, en newtons
L = centro entre los soportes en centimetros
a = ancho de la probeta, en centimetros
e = altura de la probeta en la dirección tangencial, en centímetros

Densidad de madera (DM): se determina mediante la fórmula:

$$Densidad = Peso\ especifico\ (g)/\ 1cm^3$$

Se aplica para los valores obtenidos en las cinco repeticiones de PSM tomadas para cada individuo.

CARACTERISTICAS DE LA CORTEZA

- **CUALITATIVAS**

Forma de la corteza (FC):
1. Lisa
2. Fisurada
3. Escamosa

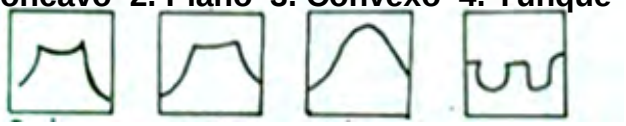
1. Lisa 2. Fisurada 3. Escamosa

Contextura de corteza (C):
1. Carnosa

2. Fibrosa

Dientes y fisuras de la corteza muerta (DFCM):
1. Diente cóncavo
2. Diente plano
3. Diente convexo
4. Fisura y diente en yunque

1. Cóncavo 2. Plano 3. Convexo 4. Yunque



Mucilago en la corteza interna (MCI):
1. Presente
2. Ausente

Oxidación de exudados (OEX): Se evalúa después de un minuto de extraer la corteza.
1. Poco oxidada
2. Oxidada
3. Muy Oxidada

Color de exudados (CEX): Se evalúa después de un minuto de extraer la corteza, de acuerdo a los colores codificados en la tabla de Munsell (1975) para órganos vegetales.
1. Página 2,5YR colores 4/6; 4/8; 5/8 y 6/8
2. Página 5YR colores 4/6; 4/8; 5/10; 5/6; 5/8; 6/10; 6/8 y 7/6
3. Página 7,5YR colores 5/6; 5/8 y 6/10
4. Página 10R colores 4/8; 5/10; 5/8 y 7/8

- **CUANTITATIVAS**

Grosor de la corteza desprendida (GCD): con un pie de rey se mide en centímetros (cm) la parte más gruesa de una muestra de corteza desprendida tomada a una altura de 1,30 m del tronco.

Densidad de exudados (DEX): Se toma una muestra de 10 gr, se macera y se pone en 81 ml de agua (Cantidades determinadas en la investigación previa que se hizo para la generación de este proyecto). Después de 12 horas se sumerge un densímetro y se registra el valor obtenido.

pH de exudación (pHEX): A la solución obtenida en el procedimiento anterior se mide con pHmetro su pH.

Materia seca de corteza (PFC): Después de realizar las evaluaciones de exudación, se seca al horno durante 24 horas a 70°C, se pesa en la balanza analítica, se aplica la siguiente ecuación: % de materia seca = [(Peso fresco – Peso seco)/Peso fresco]*100 y se promedia.

CARACTERISTICAS DE LA COPA

- **CUALITATIVAS**

Forma de la copa (FCP):
1. Abanicada
2. Aparasolada
3. Ovoide

1. Abanicada 2. Aparasolada 3. Ovoide

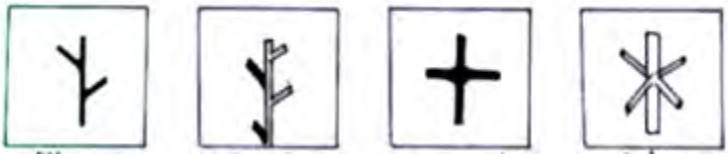
Consistencia de las ramas (CR)
1. Flexibles
2. Macizas
3. Tabicadas

Dirección de ramas (DR):
1. Erguidas
2. Horizontales

1. Erguida 2. Horizontales

Disposición de ramas (DPR):
1. Alternas
2. Espiraladas
3. Opuestas
4. Verticiladas

1. Alternas 2. Espiralada 3. Opuestas 4. Verticiladas



Forma de ramas (FR):

1. Arqueadas
2. En “s” extendidas
3. Angulosa

1. Arqueadas 2. En “S” extendida 3. Angulosa

Poda Natural (PN):

1. Abundante
2. Escasa
3. Nula

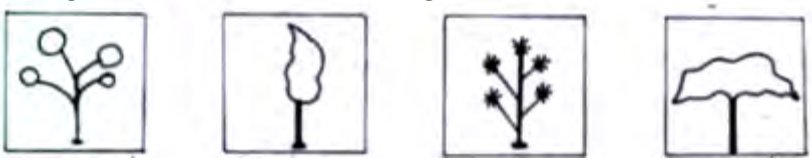
Abundancia de follaje (AF):

1. Abundante
2. Escaso
3. Medio

Distribución de follaje (DF):

1. Aglomerado
2. Irregular
3. Ramilletes
4. Sombrillas

1. Aglomerado 2. Irregular 3. Ramillete 4.



Color de la rama (COR): De acuerdo a los colores codificados en la tabla de Munsell (1975) para órganos vegetales.

1. Página 2,5GY colores 7/2; 8/2; 8/4 y 5GY colores 5/4
2. Página 2,5Y colores 5/4; 6/2; 7/4; 5/4 y 7/6
3. Página 5Y colores 5/4; 6/4; 6/6; 7/2; 7/4; 7/6; 8/2 y 8/4
4. Página 5YR 3/4

Cantidad de indumento de la rama (CIR):

1. Ausente
2. Escaso

3. Medio
4. Abundante

- **CUANTITATIVAS**

Número de ramas principales (NRP): Contabilizar en número de ramas principales.

Longitud de ramas (LGR): Se mide en centímetros (cm) 10 ramas secundarias de la parte media del árbol al azar con hipsómetro y se promediarán.

Diámetro de copa (proyección de copa) (DC): Se miden en metros (m) con cinta métrica la copa en sentido norte (N) a Sur (S) y de este (E) a oeste (W), visualizando hasta donde se extienden las ramas.

Número de nudos por metro de rama (NNMR): A las ramas a las cuales se les midió la longitud se les contabiliza los nudos presentes en un metro y se promedia.

Diámetro basal de ramas (DBR): A las ramas evaluadas anteriormente se les mide el diámetro de la base en centímetros (cm) con cinta métrica y se promedia.

CARACTERISTICAS DE LAS HOJAS

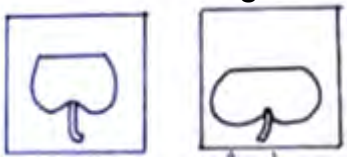
- **CUALITATIVAS**

Forma de la lámina foliar (FLF):
1. Lobadas
2. Palmada

1. Lobadas **2. Palmada**

Forma de la base de la lámina foliar (FBLF):
1. Cordada
2. Aguda

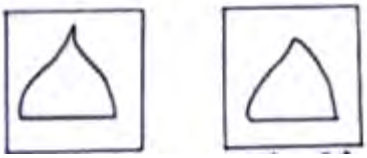
1. Cordada **2. Aguda**



Forma del ápice de la lámina foliar (FALF):
1. Agudo (ángulo <90°)

2. Obtuso (ángulo >90°)

1. Agudo<90° 2. Obtuso>90°C



Borde o Margen de la lámina foliar (BH):

1. Doble Serrado
2. Serrado

1. Doble Serrado 2. Serrado

Cantidad de indumento del haz de la lámina foliar (CIHF):

1. Ausente
2. Escaso
3. Medio
4. Abundante

Cantidad de indumento del envés de la lámina foliar (CIEF):

1. Escaso
2. Medio
3. Abundante

Color de la lámina foliar en el haz (CLFH): De acuerdo a los colores codificados en la tabla de Munsell (1975) para órganos vegetales.

1. Página 2,5GY colores 6/6
2. Página 5GY colores 4/4; 4/5; 4/6; 5/4; 5/6; 5/8 y 6/6
3. Página 7GY colores 4/6
4. Página 7,5GY colores 3/2; 3/4; 4/4; 4/2; 4/6 y 5/6

Color de la lámina foliar en el envés (CLFE): De acuerdo a los colores codificados en la tabla de Munsell (1975) para órganos vegetales.

1. Página 2,5GY colores 5/2; 6/2; 6/4; 7/2; 7/4; 8/2 y 2,5G colores 8/2
2. Página 5GY colores 5/4; 5/6; 6/3; 6/4; 6/6; 7/6 y 5G colores 5/4
3. Página 7GY colores 6/4 y 6/2
4. Página 7,5GY colores 6/4; 5/2; 5/4; 6/2; 6/4; 7/2 y 8/2.

Ondulación de la lámina foliar (OLF):

1. Cóncava
2. Ondulada
3. Convexa

1. Cóncava 2. Ondulada 3. Convexa

Venación en el haz (VH):

1. Hundida
2. Intermedia
3. Izada

- **CUANTITATIVAS**

Longitud de la lámina foliar (LLF): Medir con pie de rey en centímetros (cm), 10 hojas tomadas de la parte media del árbol desde la base del pecíolo hasta el ápice de la lámina en hojas plenamente desarrolladas y promediar.

Ancho de la lámina foliar (ALF): A las mismas hojas a las que se les tomo la longitud, medir con pie de rey en centímetros (cm) la parte más ancha y promediar.

Longitud del peciolo (LP): Medir con pie de rey en centímetros (cm) el peciolo de las 10 hojas que se han seleccionado como muestra para esta evaluación y promediar.

Grosor del pecíolo (GP): Medir con pie de rey en centímetros (cm) el punto más grueso del peciolo de las 10 hojas muestreadas y promediar.

Número de venas principales (NVP): Contar el número de venas principales de las 10 hojas seleccionas y promediar.

Profundidad de lóbulo inferior (PLI): Medir con pie de rey en centímetros (cm) la profundidad del lóbulo inferior derecho de las 10 hojas muestreadas y promediar.

Longitud del lóbulo superior (LLS): Medir con pie de rey en centímetros (cm) la longitud del lóbulo superior de las 10 hojas muestreadas y promediar.

Profundidad de base en lámina foliar (PB): Medir con pie de rey en centímetro (cm) la profundidad de la base que va pegada al peciolo de las mismas 10 hojas de los descriptores anteriores y promediar.

CARACTERISTICAS DE LA FLOR

- **CUALITATIVAS**

Color de los pétalos (CP): De acuerdo a los colores codificados en la tabla de Munsell (1975) para órganos vegetales.

1. Página 2,5Y colores 7/4; 8/2; 8/4; 8/6; 8/8 y 2,5GY 8/10
2. Página 5Y colores 8/2; 8/4; 8/5; 8/6 y 8/7
3. Página 7YR colores 8/2; 8/4; 8/6 y 5YR colores 5/10

Posición de inflorescencias (PI):

1. Terminales
2. Axilares

Indumento del sépalo (IS):

1. Ausente
2. Presente

Indumento del cáliz (IC):

1. Ausente
2. Presente

- **CUANTITATIVAS**

Longitud de sépalos (LS): Tomar 10 flores y medir con pie de rey en centímetros (cm) la longitud de los sépalos y promediar.

Ancho de sépalos (AS): A los mismos sépalos de la evaluación anterior medir con pie de rey en centímetros (cm) la parte más ancha de cada uno y promediar.

Longitud de pétalos (LGP): A las 10 flores a las cuales se les medio los sépalos, medirles con pie de rey en centímetros (cm) su longitud y promediar.

Ancho de pétalos (AP): A los pétalos a los cuales se les evaluó su longitud, medirles con pie de rey en centímetros (cm) la parte más ancha y promediar.

Número de botones florales en inflorescencia (NFI): tomar 2 inflorescencias, contar el número de flores y promediar.

CARACTERISTICAS DEL FRUTO

- **CUALITATIVAS**

Forma del fruto (FF):
1. Cordiforme
2. Cordiforme alargado
3. Oval

1. Cordiforme 2. Alargado 3. Oval

Indumento del fruto (IF):
1. Ausente
2. Presente

Uniformidad en el tamaño de los frutos (UTF):
1. Si
2. No

Color del fruto (CF): De acuerdo a los colores codificados en la tabla de Munsell (1975) para órganos vegetales.
1. Página 2,5R colores 5/4; 5/6 y 6/8
2. Página 5R colores 3/6; 4/2; 4/4; 4/6; 5/4; 5/6; 5/10; 6/6; 7/6; 7/8 y 10R colores 4/4; 5/8; 6/6; 6/10; 7/8
3. Página 5YR colores 5/4, página 10YR colores 7/8 y 2,5YR colores 6/6
4. Página 7,5YR colores 5/6

Frutos deformes (FD): frutos que presentan forma triangular o cuadrada.
1. Ausente
2. Presente

- **CUANTITATIVAS**

Número de frutos por inflorescencia (NFIN): Se seleccionan dos inflorescencias al azar, se contabiliza el número de frutos que ha cargado y se promedian.

Número de frutos deformes por inflorescencia (NFD): En las mismas inflorescencias empleadas para la evaluación de NFIN se contabiliza en número de frutos de forma diferente a la plana.

Diámetro polar de fruto (DPF): Medir con pie de rey en centímetros (cm) desde el punto de inserción del pedúnculo hasta la base en 10 frutos y promediar.

Longitud del pedúnculo (LOP): Medir con pie de rey en centímetros (cm) la parte más larga de los pedúnculos de los 10 frutos muestreados y promediar.

Grosor del pedúnculo (GRP): Medir con pie de rey en centímetros (cm) la parte más gruesa de los pedúnculos evaluados anteriormente y promediar.

Número de lóculos por fruto (NL): Con un bisturí partir por la mitad los 10 frutos muestreados, contabilizar el número de lóculos y promediar.

Número de frutos deformes (NFD): En aquellos individuos que presentan frutos deformes, se contabilizan de forma separada en cada inflorescencia y se promedia.

CARACTERIZACIÓN DE LAS SEMILLAS

- **CUALITATIVAS**

Color de la semilla (CS): De acuerdo a los colores codificados en la tabla de Munsell (1975) para órganos vegetales.
1. Página 2,5Y colores 6/6; 7/6 y 8/6
2. Página 5RY colores 3/2; 3/4; 4/2; 4/4; 4/6; 5/2; 5/4; 5/6; 5/8; y 6/4
3. Página 7,5YR colores 4/2; 4/4; 5/4; 5/6; 5/8; 6/6 y 7/6
4. Página 10R colores 3/2

Superficie de la semilla (SM):
1. Lisa
2. Rugosa

- **CUANTITATIVAS**

Peso de semilla (PES): En una balanza analítica pesar 100 semillas.

Diámetro polar de semilla (DPS): Medir con pie de rey en centímetros (cm) la parte más larga de 10 de las semillas pesadas y promediar.

Anexo 2. Datos de pasaporte de los individuos de *Heliocarpus americanus* Watts. caracterizados fenotípica y genotípicamente.

ID	MUNICIPIO	LATITUD (LN)	LONGITUD (LO)	ALTITUD (msnm)	FUENTE DE RECOLECCION
AN160	Ancuya	01° 09' 59,4"	77° 31' 34,1"	2238	Pradera o pastizal
AR19	Arboleda	01° 29' 39,4"	77° 05' 59,6"	2102	Borde de carretera
CO145	Consacá	01° 15' 15,4"	77° 26' 40,2"	1902	Cerca viva
CO136-4	Consacá	01° 10' 35,5"	77° 26' 55,1"	1847	Ronda hídrica
CO137-2	Consacá	01° 10' 35,1"	77° 26' 54,3"	1757	Ronda hídrica
CO141	Consacá	01° 10' 30,1"	77° 26' 59,1"	1837	Ronda hídrica
CO155-2	Consacá	01° 13' 10,7"	77° 25' 19,1"	2136	Ronda hídrica
CO167-2	Consacá	01 °10' 26,2"	77° 26' 02,8"	2184	Cerca viva
CO169-3	Consacá	01° 10' 24,0"	77° 26' 04,5"	2180	Borde de carretera
CH92	Chachagui	01° 21' 12,3"	77° 14' 27,2"	2053	Asociado a cultivos
CH92-1	Chachagui	01° 22' 11,0"	77° 14' 27,6"	2055	Asociado a cultivos
CH81-1	Chachagui	01° 21' 31,1"	77° 15' 10,9"	1969	Ronda hídrica
CH102	Chachagui	01° 21' 29,5"	77° 16' 00,0"	2146	Bosque secundario o primario
CH94-1	Chachagui	01° 21' 30,8"	77° 15' 57,8"	2185	Bosque secundario o primario
CH67	Chachagui	01° 20' 50,3"	77° 17' 00,6"	2091	Cerca viva
CH76	Chachagui	01° 20' 51,5"	77° 17' 08,4"	2054	Borde de carretera
CH63	Chachagui	01° 20' 51,8"	77° 17' 03,7"	2048	Cerca viva
CH91	Chachagui	01° 21' 12,1"	77° 16' 29,5"	2073	Ronda hídrica
CH95-2	Chachagui	01° 21' 10,6"	77° 16' 27,6"	2085	Barbecho
CH90-4	Chachagui	01° 19' 41,3"	77° 16' 26,0"	2125	Borde de carretera
GU118-3	Guachavez	01° 13' 06,4"	77° 39' 49,5"	1998	Ronda hídrica
GU128-1	Guachavez	01° 13' 24,9"	77° 39' 41,0"	2028	Ronda hídrica
GU113	Guachavez	01° 15' 15,4"	77° 38' 45,6"	1896	Barbecho
GU112	Guachavez	01° 22' 46,9"	77° 36' 21,3"	2044	Cerca viva
GU118-1	Guachavez	01° 14' 42,1"	77° 39' 07,6"	1948	Ronda hídrica
GU124-3	Guachavez	01° 13' 20,4"	77° 39' 47,5"	1952	Ronda hídrica
TB39-4	El Tambo	01° 23' 51,5"	77° 20' 54,8"	2333	Bosque secundario o primario
TB37-2	El Tambo	01° 23' 46,1"	77° 21' 02,1"	2340	Bosque secundario o primario
TB55	El Tambo	01° 23' 39,8"	77° 21' 30,7"	2296	Ronda hídrica
TB56-4	El Tambo	01° 23' 38,9"	77° 22' 33,7"	2284	Borde de carretera
TB56-5	El Tambo	01° 23' 38,7"	77° 22' 33,1"	2286	Borde de carretera
FL177-1	La Florida	01° 20' 42,7"	77° 22' 23.0"	2108	Cerca viva
FL188-4	La Florida	01° 19' 37,1"	77° 19' 19.4"	2013	Bosque secundario o primario
FL185-1	La Florida	01° 21' 10,8"	77° 21' 33.2"	2204	Cerca viva
FL183-3	La Florida	01° 21' 11,2"	77° 21' 32.6"	2207	Pradera o pastizal
UN03	La Unión	01° 35' 27,2"	77° 07' 52,4"	1817	Bosque secundario o primario
UN06	La Unión	01° 35' 24,0"	77° 09' 30,6"	1859	Jardín o huerto
UN6-1	La Unión	01° 33' 56,8"	77° 07' 31,4"	2014	Cerca viva
Li14	Linares	01° 22' 57,0"	77° 32' 33,9"	2262	Borde de carretera
Li68	Linares	01° 20' 01,0"	77° 31' 17,0"	1944	Cerca viva
Li80	Linares	01° 22' 00,7"	77° 31' 46,0"	1772	Asociado a cultivos

Continuación Anexo 2. Datos de pasaporte.

ID	MUNICIPIO	LATITUD (LN)	LONGITUD (LO)	ALTITUD (msnm)	FUENTE DE RECOLECCION
Li97	Linares	01° 14' 01,3"	77° 17' 38,3"	1824	Bosque secundario o primario
ML61	Mallama	01° 11' 05,6"	77° 57' 49,1"	1304	Borde de carretera
Ri55	Ricaurte	01° 10' 57,4"	77° 57' 58,1"	1329	Asociado a cultivos
SM108-4	Samaniego	01° 22' 47,2"	77° 36' 21,8"	2095	Ronda hídrica
SP3-2	San Pedro de Cartago	01° 33' 09,5"	77° 07' 24,6"	2078	Cerca viva
SP44	San Pedro de Cartago	01° 33' 38,4"	77° 07' 24,9"	2065	Cerca viva
SN121	Sandoná	01° 15' 23,5"	77° 27' 43,9"	1943	Asociado a cultivos
SN129-1	Sandoná	01° 18' 01,7"	77° 27' 16,1"	1842	Cerca viva
YA159	Yacuanquer	01° 09' 59,1"	77° 26' 53,0"	2004	Bosque secundario o primario
YA165-3	Yacuanquer	01° 09' 59,5"	77° 27' 03,3"	1930	Asociado a cultivos

Anexo 3. Datos de descriptores cuantitativos y cualitativos de individuos seleccionados de Balso blanco (*Heliocarpus americanus* Watss).

Nº	Genotipo	EST	FRT	DB	DNC	AT	AFL	DZM	PSM	RF	DM	GCD	DEX	PHEX	PFC	NRP	LGR	DC	NNMR	DBR
1	AN 160	2	4	68,15	51,91	9,6	3	38	0,7	306,9	0,25	2,46	0,97	5,61	1,41	11	0,99	18,43	61	1,27
2	AR 19	2	2	52,55	46,18	8,3	2,3	97,75	0,7	358,4	0,25	2,35	0,98	5,37	1,77	10	0,91	25,15	16	1,40
3	CH 92	2	7	62,80	49,40	9,2	2,2	76,5	0,8	283,9	0,27	2,61	1,03	5,24	1,55	7	1,14	24,36	46	1,27
4	CH 92-1	2	5	52,50	45,80	9	2,5	154,75	1,2	425,8	0,39	2,06	1,12	5,88	1,94	7	0,91	15,22	27	1,75
5	CH 81-1	2	5	54,11	41,38	10	1,7	213,75	0,8	152,1	0,26	2,83	1,02	6,08	1,99	6	1,00	19,80	51	1,44
6	CH 102	2	5	62,30	51,60	9,9	6,3	252,5	0,4	519,5	0,39	2,65	0,96	5,84	1,65	7	1,14	24,36	46	1,27
7	CH 94-1	2	5	68,80	51,20	10	5,3	151,25	0,3	589,7	0,29	2,7	1,12	6,40	1,84	5	1,05	20,90	42	1,43
8	CH 67	2	7	36,35	32,48	9,2	5,2	188,5	0,4	364,9	0,37	2,01	1,05	6,21	3,10	7	0,76	26,00	27	1,23
9	CH 76	2	2	62,25	51,29	10	2,3	97,25	0,3	144,5	0,27	2,31	0,96	4,99	1,81	6	1,00	21,80	39	1,39
10	CH 63	1	1	57,96	52,21	7,3	1,8	68,25	0,2	425,6	0,25	1,91	0,95	5,11	2,01	6	1,01	24,00	49	2,04
11	CH 91	1	1	55,70	51,37	9,7	4,2	39,75	0,2	249,1	0,21	1,53	0,93	5,15	2,37	8	0,88	19,00	49	2,51
12	CH 95-2	2	5	33,55	29,19	8,8	3,8	110,5	0,3	381,2	0,27	2,08	0,97	4,99	1,81	4	1,28	14,30	52	1,81
13	CH 90-4	2	3	47,11	34,06	9,3	4,8	97,75	0,3	179,0	0,28	2,69	0,95	5,11	2,00	5	0,88	17,00	46	1,81
14	CO 145	2	3	45,26	40,13	9,5	3,6	170,5	0,3	281,1	0,27	2,31	0,99	5,42	1,92	12	1,27	18,80	31	1,11
15	CO 136-4	2	7	67,83	46,18	9,7	4	147	0,2	334,9	0,24	1,11	0,95	5,14	2,67	11	1,52	24,20	43	1,16
16	CO 137-2	2	2	41,08	42,68	7,5	3,35	121,25	0,3	149,3	0,25	1,28	0,97	5,30	2,28	5	1,28	15,00	55	1,10
17	CO 141	2	7	41,08	35,99	6,2	3,2	187,25	0,3	216,6	0,33	1,04	0,93	5,23	3,04	3	1,05	17,50	61	1,39
18	CO 155-2	2	5	56,37	47,45	7,2	4,3	274,75	0,3	427,1	0,34	1,56	0,99	5,24	3,17	6	1,09	27,40	48	1,38
19	CO 167-2	2	8	48,41	43,30	9,6	3,5	244,25	0,3	809,6	0,35	1,46	0,95	5,42	3,62	7	0,89	20,00	52	1,47
20	CO 169-3	2	2	48,41	41,08	9	3,8	159,25	0,9	415,3	0,32	1,99	0,98	5,14	2,26	10	0,95	18,00	44	1,16
21	FL 177-1	2	5	38,22	35,03	7	1,4	111,5	1,0	329,9	0,33	1,87	0,98	5,00	2,95	6	0,78	20,00	38	1,88
22	FL 188-4	2	5	38,85	33,12	7,6	2,7	111,5	1,0	337,8	0,34	1,99	0,95	5,15	2,77	7	1,01	25,00	46	1,30
23	FL 185-1	2	8	45,22	38,54	9,6	4,8	163,5	1,0	559,5	0,33	2,56	0,99	5,30	1,94	4	0,98	21,40	27	1,68
24	FL 183-3	2	7	55,41	34,59	10	4,8	109	0,9	363,1	0,29	1,81	0,92	4,93	2,13	7	1,19	29,20	51	1,93
25	GU 118-3	2	5	38,54	28,98	8,7	3,5	244	0,9	380,9	0,30	1,84	0,92	4,93	2,13	5	1,06	21,30	13	2,01
26	GU 128-1	2	5	35,03	28,34	7,8	3	103	0,8	182,2	0,26	1,35	0,94	5,15	1,96	5	1,11	15,50	18	2,71
27	GU 113	1	3	37,80	28,00	7,5	3,4	24,5	0,6	251,2	0,18	1,32	0,91	5,79	2,56	6	1,14	11,50	34	1,67
28	GU 112	2	3	53,50	51,90	9,6	4,6	335	0,9	287,3	0,30	3,19	0,95	5,11	1,63	10	1,10	19,70	50	1,05
29	GU 118-1	2	5	35,03	29,94	9,4	5,11	244	0,9	380,9	0,30	1,87	0,98	5,20	2,06	5	1,06	15,00	34	2,11
30	GU 124-3	2	2	31,20	27,07	9	2	288	0,8	340,8	0,26	1,29	0,86	5,84	3,94	5	1,10	16,00	28	1,64
31	Li 14	2	2	36,62	30,25	9	5	308,25	1,0	295,5	0,33	1,55	0,92	5,34	2,35	6	1,48	15,60	23	2,28
32	Li 68	2	7	63,69	45,22	9,8	2,6	55,5	0,9	357,6	0,29	1,46	0,98	4,72	2,16	9	0,67	17,60	18	1,39
33	Li 80	2	3	34,08	36,31	8,3	3,9	226	0,9	568,2	0,29	1,32	0,99	5,15	2,47	12	0,70	17,50	25	1,53
34	Li 97	2	7	31,53	30,89	7,9	1,3	58,25	0,6	345,6	0,21	1,37	0,95	5,03	2,00	13	0,81	14,06	12	1,38
35	ML 61	2	4	36,62	32,47	7,8	7,7	139	0,9	324,8	0,31	1,54	0,95	5,67	2,32	14	0,80	13,40	26	1,38
36	Ri 55	2	3	41,08	32,48	8,6	4,8	100	0,9	509,9	0,30	0,76	0,90	5,65	2,85	17	0,73	18,50	20	1,38
37	SM 108-4	1	6	62,40	45,20	10	2	52,75	0,7	350,1	0,23	1,14	0,97	5,65	2,11	7	1,36	15,00	24	2,31
38	SN 121	2	7	57,01	44,27	8,7	3,3	157	0,7	372,3	0,24	2,25	1,01	5,86	2,30	9	1,29	11,60	9	0,97
39	SN 129-1	2	2	50,69	29,94	10	6	66	0,6	388,7	0,21	1,29	0,94	5,13	1,57	6	1,23	18,00	15	2,75
40	SP 3-2	2	7	50,93	43,93	9,4	4,5	150,25	0,9	819,1	0,31	1,86	0,95	5,21	2,42	12	1,89	16,00	19	0,90
41	SP 44	2	1	51,27	43,31	6,1	2,4	71,25	0,7	242,9	0,24	2,25	0,94	5,29	1,71	6	0,86	16,90	24	1,26
42	TB 39-4	2	3	54,43	51,88	8,6	4,7	127,25	0,9	557,9	0,31	1,87	0,94	5,02	1,99	7	1,09	15,80	37	2,31
43	TB 37-2	2	2	51,12	50,48	10	6	86,25	0,6	246,0	0,21	1,77	0,94	5,04	1,40	12	1,31	13,00	49	1,09
44	TB 55	2	1	54,78	46,82	10	6,2	267	1,1	399,8	0,36	1,65	0,95	5,05	2,21	6	1,00	15,00	37	2,34
45	TB 56-4	2	5	43,82	40,86	8,8	2,7	100,2	0,6	192,6	0,21	2,11	0,98	5,15	1,75	4	0,69	18,00	30	2,46
46	TB 56-5	2	7	43,92	40,76	8,8	2,7	74,5	0,7	233,3	0,23	1,24	0,93	5,13	1,88	5	0,84	17,00	25	2,28
47	UN 03	2	7	35,99	41,40	6	1,8	201,25	0,9	658,8	0,30	0,78	0,91	5,85	3,73	32	0,77	15,70	33	1,98
48	UN 06	1	1	45,22	36,31	8,4	3,4	271,5	1,0	484,4	0,33	1,83	0,94	5,19	1,53	23	1,10	19,50	14	1,07
49	UN 6-1	1	7	65,29	34,08	8,4	3,5	152,25	1,1	596,9	0,36	2,37	0,98	5,61	1,60	12	1,89	18,00	19	0,90
50	YA 159	2	3	57,32	41,40	8,7	3,8	173,5	1,0	319,5	0,32	1,89	0,99	5,22	1,80	41	1,47	24,10	51	1,27
51	YA 165-3	2	1	56,37	42,99	5,7	1,57	160,5	1,0	453,3	0,32	2,49	0,95	5,28	2,24	26	0,86	21,60	56	0,91
	Media	48,93	40,42	8,71	3,65	149,48	0,70	375,41	0,29	1,86	0,96	5,34	2,21	9,45	1,07	18,78	35,10	1,60	15,53	16,56
	Desviación estándar	10,70	7,85	1,16	1,44	77,67	0,28	152,14	0,05	0,55	0,05	0,36	0,58	7,15	0,27	4,13	14,42	0,50	2,57	2,50
	CV%	21,87	19,41	13,34	39,46	51,96	40,56	40,53	17,66	29,77	4,76	6,74	26,44	75,63	25,04	21,99	41,08	31,25	16,55	15,12

Continuación Anexo 3. Variables cuantitativas.

Nº	Genotipo	LP	GP	NVP	PLI	LLS	PB	LS	AS	LGP	AP	NFI	NFIN	NFD	DPF	LOP	GRP	NL	PES	DPS
1	AN 160	6,56	0,31	9	2,29	3,40	1,19	0,56	0,18	0,39	0,13	1995	1778	0	0,57	0,65	0,09	2	0,13	0,21
2	AR 19	8,80	0,39	9	3,14	5,72	1,95	0,48	0,21	0,43	0,13	1832	889	0	0,70	0,64	0,15	4	0,06	0,24
3	CH 92	10,05	0,43	7	2,97	3,81	2,06	0,44	0,12	0,38	0,10	3076	675	0	0,61	0,68	0,13	2	0,10	0,24
4	CH 92-1	10,52	0,41	9	2,55	5,65	2,49	0,44	0,12	0,38	0,10	3076	1596	30	0,54	0,78	0,13	3	0,10	0,24
5	CH 81-1	10,40	0,35	7	3,53	6,02	1,38	0,68	0,26	0,42	0,13	1292	1062	0	0,51	0,43	0,09	3	0,08	0,24
6	CH 102	8,20	0,54	9	3,44	5,96	2,83	0,71	0,21	0,59	0,17	4317	2345	0	0,49	0,74	0,11	2	0,11	0,24
7	CH 94-1	10,36	0,51	7	2,64	7,28	2,35	0,63	0,17	0,45	0,12	1864	1230	12	0,55	0,58	0,12	2	0,13	0,28
8	CH 67	9,44	0,48	7	3,55	6,82	3,00	0,91	0,20	0,75	0,23	8352	1969	0	0,51	0,79	0,13	2	0,05	0,23
9	CH 76	12,10	0,39	7	2,94	6,43	2,31	0,58	0,19	0,51	0,14	1206	1623	0	0,48	0,75	0,09	2	0,08	0,24
10	CH 63	9,90	0,49	7	2,78	6,49	2,21	0,71	0,21	0,60	0,18	1810	2523	0	0,41	0,81	0,13	2	0,12	0,27
11	CH 91	8,33	0,36	7	3,08	6,43	2,64	0,81	0,21	0,74	0,22	2855	1292	24	0,51	0,61	0,13	2	0,10	0,23
12	CH 95-2	11,30	0,53	7	2,35	6,37	1,82	0,49	0,19	0,34	0,13	1740	1764	0	0,44	0,43	0,06	2	0,12	0,23
13	CH 90-4	12,60	0,48	7	4,28	7,51	2,89	0,77	0,15	0,67	0,14	1737	1494	0	0,49	0,61	0,13	4	0,09	0,22
14	CO 145	12,74	0,42	7	3,96	5,17	3,20	0,65	0,21	0,48	0,12	725	271	0	0,51	0,51	0,12	1	0,10	0,23
15	CO 136-4	9,15	0,42	7	3,44	6,74	2,45	0,64	0,18	0,47	0,13	1611	1571	31	0,51	0,66	0,14	2	0,06	0,28
16	CO 137-2	9,36	0,51	7	3,50	6,26	2,70	0,78	0,22	0,49	0,08	5246	2549	0	0,43	0,43	0,09	2	0,85	0,22
17	CO 141	11,96	0,50	7	3,76	6,16	2,84	0,69	0,14	0,52	0,11	3649	1135	67	0,27	0,48	0,11	2	0,13	0,24
18	CO 155-2	8,91	0,34	7	2,48	5,04	1,36	0,78	0,17	0,42	0,10	2528	480	0	0,42	0,46	0,11	2	0,06	0,24
19	CO 167-2	9,61	0,46	7	3,52	6,38	2,42	0,71	0,17	0,51	0,15	560	171	0	0,39	0,62	0,11	2	0,09	0,19
0	CO 169-3	11,23	0,46	7	3,77	6,12	2,07	0,81	0,23	0,57	0,19	1660	2580	0	0,58	0,92	0,15	2	0,11	0,27
21	FL 177-1	6,80	0,37	7	2,42	5,60	2,09	0,79	0,20	0,65	0,17	991	978	0	0,56	0,78	0,09	1	0,11	0,22
22	FL 188-4	9,20	0,33	7	2,45	5,14	1,51	0,70	0,20	0,62	0,15	3672	1634	0	0,41	0,71	0,08	1	0,09	0,25
23	FL 185-1	12,06	0,37	7	3,80	6,64	2,42	0,49	0,17	0,36	0,11	5297	551	0	0,50	0,63	0,12	2	0,06	0,22
24	FL 183-3	7,31	0,42	7	2,11	4,96	2,96	0,73	0,23	0,49	0,19	1699	1575	0	0,56	0,71	0,13	2	0,08	0,19
25	GU 118-3	9,80	0,36	7	3,83	7,65	2,19	0,91	0,23	0,66	0,19	2463	1871	162	0,48	0,65	0,09	1	0,09	0,29
26	GU 128-1	9,30	0,51	7	4,89	6,66	2,43	0,52	0,16	0,34	0,12	3006	2857	0	0,58	0,79	0,12	2	0,08	0,22
27	GU 113	15,90	0,48	9	4,60	6,28	3,97	0,46	0,17	0,32	0,13	7952	1029	20	0,53	0,54	0,11	1	0,07	0,14
28	GU 112	14,10	0,46	9	2,95	5,25	1,75	0,45	0,15	0,33	0,11	3085	2142	21	0,42	0,38	0,13	2	0,14	0,23
29	GU 118-1	11,40	0,49	7	3,25	6,26	2,13	0,73	0,23	0,55	0,15	2722	792	72	0,37	0,54	0,12	2	0,10	0,23
30	GU 124-3	12,10	0,46	9	3,90	6,42	2,49	0,79	0,23	0,59	0,16	3028	2497	0	0,49	0,55	0,12	2	0,08	0,23
31	Li 14	9,04	0,46	9	3,82	4,96	3,24	0,67	0,19	0,47	0,16	2280	1876	0	0,45	0,44	0,10	1	0,08	0,24
32	Li 68	12,02	0,39	9	4,38	7,64	2,41	0,55	0,14	0,40	0,14	1412	1298	0	0,46	0,89	0,04	4	0,08	0,22
33	Li 80	7,42	0,27	11	4,71	8,14	3,28	0,64	0,23	0,42	0,14	358	34	0	0,62	0,87	0,05	4	0,10	0,27
34	Li 97	8,66	0,29	9	5,45	7,99	1,81	0,42	0,14	0,28	0,11	3884	2524	0	0,58	0,79	0,08	4	0,12	0,24
35	ML 61	13,20	0,49	7	4,25	6,59	2,83	0,57	0,18	0,45	0,14	2846	1378	0	0,64	0,87	0,08	2	0,10	0,27
36	Ri 55	14,50	0,42	7	2,19	7,66	2,78	0,62	0,18	0,51	0,58	2277	1428	0	0,61	0,92	0,20	3	0,23	0,31
37	SM 108-4	8,47	0,36	9	2,11	5,98	1,65	0,65	0,21	0,52	0,17	8482	4691	46	0,41	0,58	0,09	1	0,18	0,23
38	SN 121	10,10	0,48	9	3,15	7,42	2,13	0,43	0,16	0,33	0,11	857	531	29	0,50	0,43	0,09	4	0,16	0,22
39	SN 129-1	18,40	0,69	7	5,49	9,35	3,31	0,81	0,22	0,64	0,16	2598	1232	240	0,35	0,42	0,08	4	0,12	0,23
40	SP 3-2	10,40	0,44	9	4,11	6,83	2,59	0,74	0,20	0,51	0,17	6737	2268	0	0,38	0,60	0,04	2	0,09	0,24
41	SP 44	9,85	0,54	9	2,58	5,78	1,45	0,56	0,16	0,29	0,14	3228	3259	0	0,44	0,51	0,11	2	0,26	0,14
42	TB 39-4	8,60	0,51	9	3,37	5,42	2,85	0,65	0,19	0,49	0,14	2892	1947	0	0,41	0,71	0,12	1	0,06	0,27
43	TB 37-2	9,10	0,39	7	2,93	6,91	2,48	0,77	0,21	0,66	0,12	4029	2947	0	0,51	0,57	0,11	2	0,24	0,12
44	TB 55	9,78	0,47	7	3,81	6,11	2,87	0,49	0,19	0,44	0,12	2635	1152	0	0,51	0,67	0,12	2	0,07	0,18
45	TB 56-4	15,10	0,48	7	3,01	4,75	2,11	0,56	0,18	0,44	0,15	2901	1062	130	0,49	0,51	0,11	1	0,13	0,25
46	TB 56-5	9,50	0,46	7	3,20	7,15	3,34	0,57	0,18	0,39	0,16	2392	1837	18	0,36	0,73	0,08	2	0,07	0,22
47	UN 03	8,80	0,46	9	3,05	6,66	3,92	0,26	0,13	0,21	0,10	967	502	0	0,42	0,38	0,08	2	0,15	0,38
48	UN 06	7,42	0,33	9	2,34	4,20	2,75	0,28	0,13	0,22	0,11	4657	1711	0	0,49	0,81	0,16	2	0,05	0,17
49	UN 6-1	8,87	0,50	9	2,62	5,97	2,01	0,57	0,20	0,47	0,17	3411	1466	0	0,52	0,70	0,10	2	0,07	0,25
50	YA 159	9,83	0,38	7	3,16	5,02	2,69	0,47	0,19	0,41	0,13	6373	1742	0	0,39	0,35	0,12	1	0,14	0,23
51	YA 165-3	11,46	0,44	7	3,54	5,72	2,51	0,68	0,19	0,55	0,15	753	1583	0	0,56	0,46	0,13	2	0,17	0,22
	Media	10,39	0,44	7,78	3,36	6,21	2,45	0,62	0,19	0,47	0,15	2961,08	1596	18	0,49	0,63	0,11	2,14	0,12	0,23
	Desviación estándar	2,36	0,08	1,06	0,82	1,11	0,61	0,15	0,03	0,12	0,07	1933,17	862	45	0,08	0,16	0,03	0,89	0,11	0,04
	CV%	22,73	17,45	13,67	24,46	17,89	25,06	23,59	17,18	26,41	45,86	65,29	54	254	17,18	24,67	27,29	41,87	93,75	17,65

Continuación Anexo 3. Variables cualitativas.

Nº	Genotipo	BT	FT	DL	CL	CM	FC	C	DFCM	MCI	OEX	CEX	FCP	CR	DR	DPR	FR	PN	AF	DF	COR	CIR	FLF
1	AN 160	1	1	2	3	2	3	1	3	1	3	1	1	1	1	3	1	2	2	3	1	1	3
2	AR 19	2	1	2	3	2	2	2	4	1	2	1	1	1	1	2	1	1	2	3	2	3	3
3	CH 92	3	3	2	1	2	3	1	3	2	2	1	1	1	1	2	1	1	3	3	3	2	3
4	CH 92-1	3	3	2	2	2	2	1	3	2	2	2	1	1	1	2	1	1	3	3	3	2	3
5	CH 81-1	3	3	2	1	1	3	2	2	2	2	3	1	1	1	2	1	1	3	3	3	2	3
6	CH 102	2	2	2	4	2	3	2	3	2	2	2	2	1	1	2	1	1	2	3	1	2	3
7	CH 94-1	1	1	2	4	2	3	1	2	1	2	2	1	1	1	2	1	1	1	3	1	2	1
8	CH 67	2	2	2	3	1	2	2	3	1	2	2	2	1	1	2	1	1	2	3	3	2	1
9	CH 76	2	2	2	4	2	3	2	3	2	2	2	2	1	1	2	1	1	2	3	3	2	1
10	CH 63	1	1	2	4	1	1	2	3	1	3	2	2	1	1	2	1	1	2	3	2	2	1
11	CH 91	2	3	2	4	2	3	2	2	2	2	2	2	1	1	2	1	1	1	3	3	4	3
12	CH 95-2	2	3	2	1	1	2	1	2	2	3	2	2	1	1	2	1	1	1	3	3	4	3
13	CH 90-4	2	3	2	3	2	3	2	3	2	3	1	2	1	1	2	1	1	1	3	3	4	3
14	CO 145	1	1	2	2	1	2	1	2	2	3	2	2	1	1	2	4	1	3	4	1	3	3
15	CO 136-4	3	3	1	4	2	2	2	4	2	3	2	3	2	1	2	4	2	3	3	2	2	3
16	CO 137-2	3	1	2	4	2	1	2	2	2	2	3	1	1	1	1	4	2	3	3	2	2	1
17	CO 141	3	1	2	3	1	1	2	2	2	2	2	3	1	1	1	2	2	1	3	1	4	1
18	CO 155-2	3	3	1	1	3	3	2	4	2	2	2	3	3	1	2	4	2	1	4	3	2	3
19	CO 167-2	3	3	2	1	2	3	2	2	2	2	3	3	1	1	2	4	3	1	3	1	3	3
9	CO 169-3	3	3	1	3	2	1	2	2	2	2	2	1	1	1	2	4	1	3	4	3	2	3
21	FL 177-1	1	3	2	3	2	1	2	2	2	1	2	2	3	1	1	2	4	2	3	3	3	3
22	FL 188-4	1	2	2	3	2	1	2	2	2	3	4	2	3	1	1	2	1	1	3	3	3	3
23	FL 185-1	2	2	2	4	2	3	2	2	2	3	1	2	3	1	2	1	2	3	3	1	2	1
24	FL 183-3	2	1	2	4	2	3	2	2	2	2	1	2	1	1	2	1	2	1	3	1	2	3
25	GU 118-3	2	1	2	4	1	1	2	3	1	3	2	2	3	1	2	1	1	2	1	3	1	1
26	GU 128-1	2	2	2	4	2	2	2	2	1	3	2	2	1	1	2	1	2	1	4	3	1	3
27	GU 113	2	2	2	4	2	2	2	2	1	3	2	2	1	1	2	1	2	1	2	3	1	1
28	GU 112	3	3	2	4	2	2	1	2	1	3	2	2	3	1	2	1	2	1	4	3	1	1
29	GU 118-1	2	1	2	3	1	1	1	3	1	3	2	2	3	1	2	1	1	2	1	3	1	3
30	GU 124-3	2	2	2	4	2	2	2	2	1	3	2	2	1	1	2	1	2	2	1	3	3	3
31	Li 14	3	3	1	3	2	2	2	2	1	1	2	3	1	1	1	1	1	3	3	1	2	1
32	Li 68	3	3	2	3	2	1	2	2	1	2	4	3	2	1	1	1	1	3	1	3	1	3
33	Li 80	1	3	2	3	1	1	2	2	1	2	2	3	1	1	2	2	1	2	1	2	3	3
34	Li 97	2	3	1	3	2	2	2	2	1	2	2	1	1	1	1	1	1	1	1	2	2	3
35	ML 61	1	2	2	1	2	1	2	2	1	2	2	3	1	1	1	2	2	3	3	3	4	3
36	Ri 55	1	3	2	4	1	2	2	3	1	3	2	2	1	1	1	1	2	1	3	2	4	3
37	SM 108-4	2	3	2	1	1	2	2	2	2	3	2	1	1	1	2	1	1	2	1	3	1	3
38	SN 121	2	3	2	1	1	3	1	3	1	1	1	3	1	1	3	2	2	1	1	1	2	3
39	SN 129-1	3	2	2	4	2	1	2	4	1	3	4	1	3	1	4	4	2	3	4	3	2	3
40	SP 3-2	3	3	1	4	2	3	2	3	1	2	2	3	1	1	4	1	1	3	1	3	3	3
41	SP 44	3	2	1	4	2	2	2	2	1	2	2	1	1	1	4	1	1	3	1	2	2	3
42	TB 39-4	2	2	2	4	2	2	1	2	1	3	2	2	1	1	2	1	1	1	3	3	3	3
43	TB 37-2	2	2	2	4	2	2	1	3	1	3	2	2	2	1	2	1	2	3	2	3	3	3
44	TB 55	2	1	2	4	2	2	2	2	1	3	2	2	1	1	2	1	1	1	3	3	3	3
45	TB 56-4	2	2	2	3	1	1	2	2	1	3	1	1	3	1	2	1	1	1	3	2	3	3
46	TB 56-5	1	1	2	3	2	1	2	2	1	3	2	1	3	1	2	1	1	1	3	2	3	3
47	UN 03	3	3	2	1	2	3	2	1	1	1	2	3	1	1	4	1	1	3	3	2	2	3
48	UN 06	1	2	2	4	2	2	2	4	1	3	2	1	1	1	4	1	1	3	3	1	3	3
49	UN 6-1	3	3	2	4	1	1	2	1	1	2	2	3	1	1	4	1	1	3	1	3	3	3
50	YA 159	3	2	2	4	2	3	1	2	1	1	4	1	1	1	2	4	2	1	3	1	1	1
51	YA 165-3	3	2	2	1	3	3	1	2	1	1	2	3	1	1	2	4	2	1	3	1	1	3

Continuación Anexo 3. Variables cualitativas.

Nº	Genotipo	FBLF	FALF	BH	CIHF	CIEF	CLFH	CLFE	OLF	VH	CP	PI	IS	IC	FF	IF	UTF	CF	DF	CS	FS	SM
1	AN 160	3	1	1	2	2	2	1	2	3	2	1	2	2	3	2	2	2	2	2	2	1
2	AR 19	1	1	2	2	2	2	2	2	3	1	1	2	2	3	2	1	2	2	2	2	1
3	CH 92	1	1	2	3	2	2	1	1	3	1	1	2	2	3	2	1	2	2	3	2	1
4	CH 92-1	1	1	2	2	2	2	1	1	3	1	1	2	2	3	2	1	2	1	1	2	1
5	CH 81-1	1	1	1	3	1	1	1	1	3	1	1	2	2	4	2	1	2	2	2	2	1
6	CH 102	1	1	2	3	2	3	3	1	3	1	1	2	2	3	2	1	2	2	2	1	1
7	CH 94-1	1	1	2	2	3	2	3	1	3	1	1	2	2	3	2	2	2	1	3	1	1
8	CH 67	1	1	2	2	2	3	2	1	3	1	1	1	2	4	2	2	2	2	2	2	1
9	CH 76	1	1	2	3	2	3	3	1	3	2	1	1	2	4	2	2	1	2	3	1	1
10	CH 63	1	1	2	3	2	2	3	1	3	2	1	1	2	4	2	2	1	2	3	3	1
11	CH 91	1	1	2	2	3	3	3	1	3	2	1	1	2	3	2	2	2	1	2	3	1
12	CH 95-2	1	1	1	1	2	2	1	1	3	1	1	1	2	3	2	2	1	2	1	1	1
13	CH 90-4	1	1	2	3	2	2	1	1	3	1	1	1	2	3	2	2	2	2	3	2	1
14	CO 145	1	1	2	3	1	2	2	1	3	2	1	1	2	3	2	2	2	2	2	3	1
15	CO 136-4	1	1	1	2	2	2	1	1	3	1	1	1	2	3	2	2	2	1	3	2	1
16	CO 137-2	1	1	2	2	1	2	3	1	3	2	1	1	2	3	2	1	2	2	3	1	1
17	CO 141	1	1	2	1	1	3	3	1	3	2	1	1	2	3	2	2	1	1	2	2	1
18	CO 155-2	1	1	1	1	2	2	1	2	3	1	1	1	2	3	2	1	2	2	2	2	1
19	CO 167-2	1	1	2	3	2	3	2	2	3	1	1	1	2	3	2	1	2	2	2	2	1
9	CO 169-3	1	1	2	3	2	3	3	2	3	1	1	1	2	3	2	1	1	2	2	3	1
21	FL 177-1	1	1	2	1	2	3	1	1	3	2	1	1	2	3	2	1	2	2	2	1	1
22	FL 188-4	1	1	2	1	1	2	1	1	3	2	1	1	2	3	2	1	2	2	2	1	1
23	FL 185-1	1	1	2	0	1	2	1	1	3	1	1	1	2	3	2	2	2	2	2	1	1
24	FL 183-3	1	1	2	1	1	2	3	1	3	1	1	1	2	3	2	1	2	2	2	1	1
25	GU 118-3	1	1	2	3	3	2	1	2	3	3	1	2	2	1	2	2	3	1	2	2	1
26	GU 128-1	1	1	1	3	3	2	1	2	3	3	1	2	2	3	2	2	3	2	3	2	1
27	GU 113	1	1	1	3	3	3	3	2	3	1	1	2	2	1	2	2	2	1	2	1	1
28	GU 112	1	1	1	3	3	3	3	2	3	1	1	2	2	3	2	1	2	1	2	2	1
29	GU 118-1	1	1	2	3	3	3	1	2	3	1	1	2	2	3	2	1	2	1	3	1	1
30	GU 124-3	1	1	2	3	3	2	1	2	3	1	1	2	2	3	2	2	2	2	3	2	1
31	Li 14	1	1	2	1	2	3	3	3	3	2	1	2	2	3	2	2	2	2	2	2	1
32	Li 68	1	1	2	1	2	3	3	3	3	2	1	2	2	4	2	2	3	2	2	2	1
33	Li 80	1	1	2	3	2	2	2	3	3	2	1	2	2	4	2	2	2	2	3	2	1
34	Li 97	1	1	2	1	1	3	3	3	3	2	1	2	2	4	2	1	2	2	2	3	1
35	ML 61	1	1	2	3	3	3	3	2	3	2	1	2	2	1	2	2	2	2	2	3	1
36	Ri 55	1	1	2	3	3	3	3	1	3	1	1	2	2	1	2	1	2	2	2	2	1
37	SM 108-4	3	1	2	3	1	2	2	2	3	2	1	2	2	4	2	2	2	1	2	2	1
38	SN 121	3	1	1	2	1	3	2	3	3	1	1	2	2	3	2	1	2	1	2	2	1
39	SN 129-1	1	1	2	3	3	3	3	2	3	2	1	2	2	3	2	1	2	1	2	2	1
40	SP 3-2	3	1	2	3	3	3	1	3	3	2	1	2	2	1	2	2	2	2	2	2	1
41	SP 44	3	1	2	1	2	2	2	3	3	2	1	2	2	1	2	2	1	2	2	2	1
42	TB 39-4	1	1	2	1	3	2	2	1	3	1	1	2	2	3	2	2	1	2	1	2	1
43	TB 37-2	1	1	2	2	2	1	1	1	3	2	1	2	2	2	2	2	2	2	2	2	1
44	TB 55	1	1	2	2	2	2	1	1	3	2	1	2	2	3	2	1	2	2	2	1	1
45	TB 56-4	1	1	2	2	2	2	1	1	3	2	1	2	2	3	2	1	2	1	3	2	1
46	TB 56-5	1	1	1	2	2	2	2	1	3	2	1	2	2	4	2	1	2	1	2	2	1
47	UN 03	1	1	2	2	2	3	3	2	3	1	1	2	2	4	2	1	2	2	2	1	1
48	UN 06	1	1	2	1	1	3	1	3	3	2	1	2	2	2	2	2	2	2	3	2	1
49	UN 6-1	1	1	2	1	3	3	1	3	3	1	1	2	2	3	2	2	2	2	2	2	1
50	YA 159	1	2	1	1	2	2	1	2	3	3	1	1	2	2	2	2	1	2	2	1	1
51	YA 165-3	1	1	1	2	2	3	3	2	3	3	1	1	2	2	2	2	2	2	2	1	1

Anexo 4. Protocolo para extracción de ADN de plantas de Dellaporta *et al*. (1983) con algunas modificaciones.

Paso	Descripción
1	Preparar Baño maría a 65°C y colocar Buffer de extracción y SDS (10%) por 15 minutos.
2	Transferir el tejido macerado con anterioridad a un tubo eppendorf de 1.5 ml usando una espátula.
3	Adicionar 800µl de Buffer y 110µl de SDS 10% a cada tubo.
4	Mezclar el tejido con el Buffer de extracción usando vortex o una punta.
5	Incubar a 65°C por 20 minutos, invirtiendo periódicamente.
6	Adicionar 250µl de Acetato de potasio 5M frio y mezclar.
7	Incubar en hielo por 20 minutos en agitación.
8	Centrifugar a 13000 r.p.ma temperatura ambiente durante 10 minutos.
9	Transferir 800µl de sobrenadante a un tubo nuevo.
10	Adicionar 640 µl de Isopropanol frio y mezclar de 8 a 10 veces.
11	Incubar a -20°C por 2 horas.
12	Centrifugar a 13000 r.p.m a temperatura ambiente por 10 minutos.
13	Remover el Isopropanol y dejar secar sobre papel toalla y en cámara extractora de gases.
14	Resuspender 50µl T10E1 1X (Tris HCl 1M + EDTA 0,5M)y 0,5 µl RNasa, se hace un spin corto.
15	De ser necesario se almacena a -20°C.

Preparación del Buffer de Extracción.

Reactivo	**Stock**	**50 ml**	**100 ml**	**250 ml**
Tris HCl 100 mM	1 M pH 8.0	5 ml	10 ml	25 ml
EDTA 50 mM pH 8.0	0,5 M pH 8.0	5 ml	10 ml	25 ml
NaCl 500 mM	5M	5 ml	10 ml	25 ml

- Ajustar al volumen con agua destilada
- Autoclavar por 15 minutos

- Adicionar 1% relación P/V de PVP, disolver agitando (0,5; 1 y 2,5 gramos respectivamente).
- Adicionar 2% V/V de Bata Mercaptoetanol (1, 2 y 5 ml respectivamente).

Anexo 5. Protocolo para extracción de ADN de Doyle and Doyle (1990) con algunas modificaciones.

Paso	Descripción
1	Preparar Baño maría a 65°C y colocar Buffer de extracción por 30 minutos.
2	Transferir el tejido macerado con anterioridad a un tubo eppendorf de 1.5 ml usando una espátula.
3	Añadir 700µl de buffer deextracción precalentado.
4	Incubar por 45 minutos a 65 ºC mezclando por inversión cada 15 minutos.
5	Añadir 700µl de cloroformo: alcohol isoamilico (24:1), mezclar 5 minutos por inversión.
6	Centrifugar 5 minutos a 14000 r.p.m a temperatura ambiente.
7	Remover fase acuosa y pasar a un tubo nuevo.
8	Agregar 500µl isopropanol frio.
9	Mezclar por inversión de 1 a 20 veces.
10	Incubar a –20 ºC durante 1 hora.
11	Centrifugar a 14000 r.p.m por 20 minutos a temperatura ambiente.
12	Descartar el sobrenadante y dejar secar sobre papel toalla por 2 minutos.
17	Resuspender el pellet en 100 de T10E11X (Tris HCl 1M + EDTA 0,5M)
18	Agregar 2 µl de RNasa (10 mg/ml) e incubar a 4 ºC de un día a otro.
19	De ser necesario se almacena a -20°C.

Preparación del Buffer de Extracción.

Reactivo	**50 ml**	**100 ml**	**250 ml**
CTAB	1,5 g	3 g	7,5 g
NaCl	4,07 g	8,14 g	20,35 g
EDTA	0,5 M pH 8.0	0,74 g	1,85 g
Tris HCl 100 mM (1 M pH 8.0)	5 ml	10 ml	25 ml

- Ajustar al volumen con agua destilada
- Autoclavar por 15 minutos
- Adicionar 1% relación P/V de PVP, disolver agitando (0,5; 1 y 2,5 gramos respectivamente).

- Adicionar 2% V/V de Beta Mercaptoetanol (100µl, 200µl y 500µl respectivamente).

Anexo 6. Protocolo de Extracción del ADN genómico con el método de Saghai-Maroof *et al*. (1984).

Paso	Descripción
1	Preparar Baño maría a 65°C y colocar la solución amortiguadora CTAB.
2	Transferir 50mg de tejido macerado con anterioridad a un tubo ependor de 1.5 ml usando una espátula
3	Agregar 900ul de la solución amortiguadora CTAB. Mezclar por inversión, para homogenizar el tejido con la solución amortiguadora.
4	Incubar durante 60-90 min a una temperatura de 65°C y muebar los tubos con suavidad continuamente
5	Retirar los tubos del horno y enfriar durante 5-10 minutos a temperatura ambiente.
6	Agregar 450ul de cloroformo:octanol (24:1). Agitar los tubos por inmersión durante 5 a 10 minutos a temperatura ambiente.
7	Centrifugar a 15.000 rpm a temperatura ambiente (superior a 15°C) por 2 minutos para formar una fase acuosa (líquido superior de color amarillo) y una fase orgánica (color verde oscuro).
8	Recuperar aproximadamente 563ul de la fase acuosa y vacíela en un tubo nuevo de 1.5 ml.
9	Agregar 450ul de cloroformo:octanol (C:I, 24:1). Agitar los tubos por inversión durante 5 a 10 minutos a temperatura ambiente. Centrifugar a 13.000-15.000 rpm durante 2 minutos a temperatura ambiente.
10	Recuperar la fase acuosa en un tubo nuevo que contenga 30µl de 10mg/ml de ARNasa. Mezcle invirtiendo con suavidad los tubos.
11	Agregar 600µl de isopropanol al 100% previamente enfriado en un refrigerador a -20°C. Mezclar por inversión para favorecer la precipitación del DNA e incubar por 1 hora a -20°C. *Paso opcional: incubar las muestras a -20°C durante toda la noche, sobre todo si no es visible el DNA precipitado.*
12	Centrifugar a 13.200 rpm a temperatura ambiente durante 10 minutos para precipitar y formar la pastilla de DNA en el fondo del tubo. Desechar el isopropanol por decantación.
13	Agregar 750ul de etanol al 75%. Lavar suavemente la pastilla de DNA. Desechar el alcohol por decantación. Dejar que el alcohol se seque a temperatura ambiente hasta que la pastilla se seque. Si todavía se siente olor a alcohol, esto indica que la pastilla no está completamente seca.
14	Resuspender la pastilla en 50ul de TE1X
15	Adicionar 0.5ul de RNAsa a cada muestra e incubar a 37°C durante 30 minutos, agitándolos periódicamente.

Preparación de la solución amortiguadora CTAB

Reactivo	Stock	50 ml	100 ml	250 ml
CTAB 1%	1%	0,5 g	1 g	2,5 g
NaCl 700 mM	5 M	7 ml	14 ml	35 ml
EDTA 50 mM	0,5 M pH 8,0	50 ml	100ml	250 ml
Tris HCl 100 mM	1 M pH 7.5	5 ml	10 ml	25 ml

- Ajustar al volumen con agua destilada
- Autoclavar por 15 minutos
- Adicionar 1% relación P/V de PVP, disolver agitando (0,5; 1 y 2,5 gramos respectivamente).
- Adicionar 2% V/V de Beta Mercaptoetanol (500µl, 1000µl y 2500µl respectivamente).

Anexo 7. Protocolo Kit comercial de extracción de ADN (GeneJET plant Genomic ADN ®) con polivinilpirrolidona (PVP).

Paso	Descripción
1	En un tubo de microcentrífuga de 1,5 ml añadir 350 µl de tampón de lisis Asuplementado con PVP en un 2% (w/v) de concentración final.
2	Triturar 100 mg de material vegetal en nitrógeno líquido utilizando un mortero o molino como se describe en el paso 1 en la página 4.
3	Transferir el tejido macerado lo más rápido posible al tubo de microcentrifuga que contiene el tampón, para evitar su degradación del ADN.
4.	Añadir 50 µl de tampón de lisis B y 20 µl RNasa A. Mezcle con vortex por 1 min.
5	Incubar la muestra por 10 min a 65 °C haciendo vórtex cada 2 min.
6	Añadir 130 µl de solución de precipitación y mezclar invirtiendo el tubo 2-3 veces. Incubar 5 minutos en hielo.
7	Centrifugar durante 5 min a 14.000 rpm.
8	Recoger el sobrenadante (generalmente 450-550 µl) y traslado a un tubo de microcentrífuga limpio. Añadir 400 µl de Planta gDNA Binding Solution y 400 µl de etanol al 96% y mezclar bien.
9	Transferir a la columna de centrifugación 600 o 700 µl de la mezcla anterior. Centrífuga durante 1 min a 8.000 rpm. Deseche la solución filtrada y aplicar el resto de la mezcla en la misma columna. Centrifugar durante 1 min a 8000 rpm.
10	Añadir 500 µl de tampón de lavado I a la columna. Centrifugar durante 1 min a 10.000 rpm. Deseche el filtrado y coloque la columna de nuevo en el tubo de recogida.
11	Añadir 500 µl de tampón de lavado II a la columna. Centrifugar durante 3 min a 14,000 rpm.
12	Descartar el tubo de recogida que contiene la solución del filtrado y transferir la columna a un tubo de microcentrífuga de 1,5 ml estéril.
13	Para eluir el ADN genómico, añadir 50 µl de tampón de elución al centro de la membrana de la columna, incubar durante 5 min a temperatura ambiente y centrifugar durante 1 min a 10.000 rpm. Lleve a cabo una segunda etapa de elución utilizando 50 µl tampón de elución. El ADN purificado está listo para ser utilizado en aplicaciones o para almacenar a -20 ° C.

Anexo 8. Matriz de ceros y unos para los seis marcadores RAMs evaluados en 51 genotipos de *Heliocarpus americanus* Watss.

Genotipo	AC1	AC2	AC3	AC4	AC5	AC6	AC7	AC8	AC9	AC12	AC11	AC12	AC13	AC14	AC15	AC16	AC17
AN 160	0	0	0	0	0	1	1	0	1	1	0	1	0	1	1	1	0
AR 19	0	0	1	0	0	0	1	1	1	0	0	1	0	1	1	1	0
CH 92	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	1	1
CH 92-1	0	1	1	0	0	0	0	1	1	0	0	1	1	1	0	1	1
CH 81-1	0	1	1	0	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1	0	1	1
CH 102	1	0	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0
CH 94-1	0	0	1	0	1	1	1	1	1	1	0	1	0	1	1	0	0
CH 67	1	0	1	0	1	0	1	0	1	0	0	1	0	1	1	1	0
CH 76	1	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	1	1	1	1	0	0
CH 63	1	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	1	0	0
CH 91	1	1	0	1	1	1	0	1	1	1	0	1	0	1	0	0	0
CH 95-2	0	1	0	1	1	1	0	1	1	1	0	1	0	1	0	0	0
CH 90-4	0	1	0	1	1	1	0	1	1	1	0	1	0	1	0	0	0
CO 145	0	1	1	0	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
CO 136-4	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	1	0	1	1	1
CO 137-2	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0	1
CO 141	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
CO 155-2	1	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	1	1	0
CO 167-2	1	1	1	0	1	0	1	1	0	1	0	1	1	1	1	1	0
CO 169-3	1	1	1	1	1	1	1	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0
FL 177-1	1	0	0	1	1	1	1	1	1	1	0	1	0	0	0	0	0
FL 188-4	1	0	0	1	1	1	1	0	1	1	0	1	0	0	0	0	0
FL 185-1	1	0	0	1	0	1	1	1	1	1	0	1	0	0	0	0	0
FL 183-3	1	1	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	0
GU 118-3	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	0
GU 128-1	1	0	1	1	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	0	0	0
GU 113	1	0	1	1	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	1	0	0
GU 112	1	1	1	0	1	1	0	0	1	1	1	1	1	1	1	0	0
GU 118-1	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	0	1	1	0	1	0	0
GU 124-3	1	0	0	1	1	1	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0
Li 14	1	0	0	1	1	1	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Li 68	1	0	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	0	1	1	1	0
Li 80	1	0	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	0	1	1	1	0
Li 97	1	0	0	0	0	1	0	1	0	1	1	1	0	1	0	0	0
ML 61	1	0	0	1	1	1	1	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Ri 55	1	0	1	1	1	1	1	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0
SM 108-4	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0
SN 121	1	1	0	0	1	1	0	1	1	1	0	1	0	0	1	0	0
SN 129-1	1	1	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	1	1	0
SP 3-2	1	0	0	0	1	1	0	1	1	1	0	1	0	0	0	0	0
SP 44	1	0	0	0	1	1	0	1	0	1	0	1	0	0	0	0	0
TB 39-4	1	0	0	0	0	1	1	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0
TB 37-2	1	0	0	0	1	1	1	1	0	1	1	0	0	0	1	0	0
TB 55	1	1	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0	1	1	0	0
TB 56-4	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0
TB 56-5	1	0	1	1	1	0	1	0	0	1	1	1	0	1	0	0	0
UN 03	1	1	1	1	1	1	1	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0
UN 06	1	1	1	1	1	1	1	0	1	1	0	1	0	0	0	0	0
UN 6-1	1	1	0	1	0	1	1	1	1	1	0	1	0	0	0	0	0
YA 159	1	1	1	0	1	1	1	1	0	1	1	1	1	0	1	1	0
YA 165-3	1	1	1	0	1	1	1	1	0	1	1	1	1	0	1	1	0
Frec p	0,51	0,25	0,31	0,25	0,37	0,46	0,33	0,36	0,37	0,58	0,17	0,51	0,15	0,29	0,29	0,18	0,06
Frec q	0,49	0,75	0,69	0,75	0,63	0,54	0,67	0,64	0,63	0,42	0,83	0,49	0,85	0,71	0,71	0,82	0,94
hetero	0,50	0,37	0,43	0,37	0,47	0,50	0,44	0,46	0,47	0,49	0,28	0,50	0,25	0,41	0,41	0,30	0,11
het inses	0,50	0,37	0,44	0,37	0,47	0,50	0,45	0,46	0,47	0,49	0,29	0,50	0,26	0,41	0,41	0,30	0,12
het dire	0,50	0,37	0,43	0,37	0,47	0,50	0,44	0,46	0,47	0,49	0,28	0,50	0,25	0,41	0,41	0,30	0,11

Continuación Anexo 8.

Genotipo	AG1	AG2	AG3	AG4	AG5	AG6	AG7	AG8	AG9	AG12	AG11	AG12	AG13	AG14	AG15	AG16	AG17
AN 160	1	1	0	0	0	0	1	0	1	1	0	1	0	1	0	0	0
AR 19	0	1	1	1	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	0	0	0
CH 92	1	1	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0
CH 92-1	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	1	0	0	0	0
CH 81-1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	0	1	0	1	1	0	1	0
CH 102	1	1	0	1	1	1	1	1	1	0	1	0	0	1	0	1	0
CH 94-1	0	1	1	1	0	0	0	1	0	0	1	0	0	1	0	1	1
CH 67	0	1	0	0	0	1	0	1	1	1	0	1	0	0	0	1	0
CH 76	0	1	0	0	0	1	0	1	1	1	0	1	1	0	0	1	0
CH 63	1	1	0	0	0	1	1	1	1	0	0	1	0	0	0	0	0
CH 91	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0	1	1	0	0	0	0
CH 95-2	1	1	0	1	0	1	1	1	1	0	0	1	1	0	0	0	0
CH 90-4	1	1	0	0	1	1	0	1	1	0	0	1	0	0	0	0	0
CO 145	1	1	1	0	1	1	0	1	1	0	0	1	0	1	0	0	0
CO 136-4	1	1	1	1	0	1	0	1	1	0	0	1	0	1	0	0	0
CO 137-2	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	1	0	0	0	0	0
CO 141	1	1	1	0	0	1	0	0	1	0	0	1	1	1	0	1	0
CO 155-2	1	1	1	1	0	1	0	0	1	0	0	1	1	1	0	0	0
CO 167-2	1	1	1	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
CO 169-3	1	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0
FL 177-1	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0
FL 188-4	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0
FL 185-1	1	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	1	0	1	0
FL 183-3	1	1	1	0	0	0	0	1	1	0	0	1	1	1	0	0	0
GU 118-3	1	1	1	0	0	1	1	1	1	1	1	0	0	1	1	1	1
GU 128-1	1	1	1	0	0	1	0	1	1	0	1	1	1	1	0	0	0
GU 113	1	0	0	0	0	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0
GU 112	1	1	0	0	0	1	1	0	1	1	0	0	0	1	0	1	0
GU 118-1	1	1	0	0	0	1	0	1	1	1	1	1	1	0	1	1	0
GU 124-3	1	0	0	0	0	1	0	1	1	1	0	1	0	0	0	1	1
Li 14	1	0	0	0	0	1	1	0	0	0	1	0	0	1	0	1	0
Li 68	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Li 80	1	1	0	1	0	0	1	1	1	1	0	1	1	1	0	0	0
Li 97	1	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	1	0	0	0	0	1
ML 61	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	1	1	0	0	0	1
Ri 55	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
SM 108-4	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
SN 121	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	1	0	1	0	0
SN 129-1	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	1	0	1	0	0
SP 3-2	0	1	0	0	1	1	0	0	0	0	1	0	1	0	1	0	1
SP 44	1	1	0	0	1	1	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	1
TB 39-4	1	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
TB 37-2	1	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
TB 55	1	1	0	0	0	0	0	1	0	1	1	1	1	0	0	0	0
TB 56-4	1	1	0	0	1	1	0	1	0	0	1	1	1	0	0	0	0
TB 56-5	1	1	0	0	0	0	0	1	0	0	1	1	1	0	0	0	0
UN 03	1	1	1	1	1	1	0	1	1	1	0	1	0	1	0	0	0
UN 06	1	1	1	1	1	1	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0
UN 6-1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0
YA 159	1	1	1	0	0	1	1	1	0	1	1	1	0	1	0	1	1
YA 165-3	1	1	0	0	0	1	1	1	1	1	1	1	0	1	0	1	1
Frec p	0,58	0,54	0,21	0,15	0,13	0,39	0,17	0,36	0,41	0,20	0,20	0,31	0,31	0,25	0,05	0,18	0,10
Frec q	0,42	0,46	0,79	0,85	0,87	0,61	0,83	0,64	0,59	0,80	0,80	0,69	0,69	0,75	0,95	0,82	0,90
hetero	0,49	0,50	0,33	0,25	0,22	0,48	0,28	0,46	0,48	0,31	0,31	0,43	0,43	0,37	0,10	0,30	0,19
het inses	0,49	0,50	0,33	0,26	0,22	0,48	0,29	0,46	0,49	0,32	0,32	0,44	0,44	0,37	0,10	0,30	0,19
het dire	0,49	0,50	0,33	0,25	0,22	0,48	0,28	0,46	0,48	0,31	0,31	0,43	0,43	0,37	0,10	0,30	0,19

Continuación Anexo 8.

Genotipo	TG1	TG2	TG3	TG4	TG5	TG6	TG7	TG8	TG9	TG12	TG11	TG12	TG13	TG14	TG15	TG16	TG17
AN 160	1	1	1	1	1	0	1	1	1	0	1	1	1	1	1	0	1
AR 19	1	0	1	1	0	0	1	1	1	0	1	1	1	1	1	0	0
CH 92	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	1	0	1	1	0	0
CH 92-1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	0	0	1	1	1	1	0	1
CH 81-1	1	0	1	0	0	0	0	0	1	1	1	1	0	1	0	1	0
CH 102	1	0	1	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0	1	0	1	0
CH 94-1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	1	1	0	1	1	0	0
CH 67	0	0	1	0	1	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1
CH 76	1	0	1	0	0	0	0	1	0	1	1	1	1	1	1	0	0
CH 63	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	1	1	1	0	0
CH 91	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1	0
CH 95-2	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1	0
CH 90-4	0	0	1	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	1	1	0	0
CO 145	1	1	0	1	1	1	0	1	1	1	0	0	1	1	1	1	0
CO 136-4	1	1	1	0	0	0	1	0	1	0	0	1	1	1	0	0	0
CO 137-2	0	1	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0
CO 141	0	1	1	0	0	0	1	1	1	0	0	0	1	1	0	1	1
CO 155-2	1	0	1	0	0	1	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1	1
CO 167-2	1	0	1	0	0	0	0	1	1	0	0	0	1	1	1	1	1
CO 169-3	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	1	1	1	1
FL 177-1	1	0	1	0	1	0	0	1	1	0	1	0	1	1	1	1	1
FL 188-4	1	1	1	1	1	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
FL 185-1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
FL 183-3	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0	1	1	1	1	1	1
GU 118-3	0	0	0	1	0	0	0	1	1	1	1	1	1	0	1	0	1
GU 128-1	1	0	0	1	0	0	0	1	1	1	1	1	0	1	1	1	0
GU 113	1	0	0	1	0	1	1	1	1	1	1	1	0	1	1	1	0
GU 112	1	1	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
GU 118-1	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	1
GU 124-3	1	1	1	1	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0	1
Li 14	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	1
Li 68	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Li 80	1	1	0	0	1	1	1	1	1	0	1	0	0	1	1	0	0
Li 97	1	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	1
ML 61	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	0	1	1	1	1	0
Ri 55	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	0	1	0	1	0	1
SM 108-4	0	1	0	1	1	0	1	1	1	1	0	1	0	1	1	1	1
SN 121	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
SN 129-1	0	1	0	0	0	0	1	0	1	1	0	1	1	1	1	1	1
SP 3-2	1	1	0	0	0	1	1	1	1	0	1	1	0	1	1	1	1
SP 44	1	1	0	1	0	1	1	1	1	0	1	1	0	1	1	1	0
TB 39-4	1	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	1	1
TB 37-2	1	0	0	1	0	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	0	1
TB 55	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	1	1
TB 56-4	1	0	0	1	0	1	0	1	0	1	1	0	0	0	1	0	0
TB 56-5	1	1	0	1	0	1	0	1	1	1	0	0	1	1	1	0	1
UN 03	1	1	0	1	0	1	0	1	1	1	0	0	1	1	1	0	1
UN 06	1	1	1	1	1	0	1	0	0	1	0	0	0	0	1	0	1
UN 6-1	1	0	1	0	0	0	0	1	0	1	0	1	0	1	1	0	0
YA 159	1	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	1
YA 165-3	1	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	1
Frec p	0,51	0,34	0,34	0,34	0,18	0,22	0,29	0,44	0,50	0,30	0,37	0,33	0,37	0,54	0,58	0,30	0,34
Frec q	0,49	0,66	0,66	0,66	0,82	0,78	0,71	0,56	0,50	0,70	0,63	0,67	0,63	0,46	0,42	0,70	0,66
hetero	0,50	0,45	0,45	0,45	0,30	0,34	0,41	0,49	0,50	0,42	0,47	0,44	0,47	0,50	0,49	0,42	0,45
het inses	0,50	0,46	0,46	0,46	0,30	0,35	0,41	0,50	0,50	0,42	0,47	0,45	0,47	0,50	0,49	0,42	0,46
het dire	0,50	0,45	0,45	0,45	0,30	0,34	0,41	0,49	0,50	0,42	0,47	0,44	0,47	0,50	0,49	0,42	0,45

Continuación Anexo 8.

Genotipo	TG18	TG19	TG22	TG21	TG22	TG23	TG24	CT1	CT2	CT3	CT4	CT5	CT6	CT7	CT8	CT9	CT12
AN 160	0	0	1	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
AR 19	1	0	1	1	0	0	0	0	1	0	1	1	0	1	1	0	1
CH 92	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	1	0	1	0	0	0	1
CH 92-1	1	0	1	1	0	0	0	1	1	1	1	1	1	0	1	0	0
CH 81-1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	0	1
CH 102	0	1	0	0	0	0	0	1	1	1	0	1	1	1	0	0	1
CH 94-1	0	0	0	1	1	0	0	1	0	0	0	1	1	1	0	1	0
CH 67	1	1	0	1	1	0	0	1	1	0	0	1	1	0	1	1	1
CH 76	0	1	0	1	1	0	1	0	0	0	0	0	1	0	1	1	1
CH 63	1	1	0	1	1	1	0	0	1	1	0	1	1	1	1	0	1
CH 91	0	1	0	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1
CH 95-2	0	1	0	1	1	0	0	0	1	0	0	0	0	1	1	0	1
CH 90-4	0	1	0	1	1	0	0	1	1	0	0	0	0	1	1	0	1
CO 145	0	0	0	1	1	0	0	1	1	0	0	0	0	1	0	1	0
CO 136-4	1	0	0	1	1	1	0	1	0	0	0	0	0	1	0	1	0
CO 137-2	0	1	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0
CO 141	0	1	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
CO 155-2	0	1	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0
CO 167-2	0	1	0	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1	1	0	1	0
CO 169-3	0	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0
FL 177-1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	0	1	0	0	0	1	0	1
FL 188-4	0	1	0	1	1	0	0	1	0	0	0	0	1	0	1	1	0
FL 185-1	1	1	1	1	1	0	0	1	0	0	0	0	1	0	1	1	0
FL 183-3	1	0	1	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	0	1	0	1
GU 118-3	1	1	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	1	0	0
GU 128-1	0	1	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	1	0	1
GU 113	0	1	1	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	1	0	1
GU 112	1	1	1	1	0	1	0	1	1	1	0	0	0	0	1	0	0
GU 118-1	1	1	0	1	0	0	0	1	1	0	0	0	0	1	1	0	0
GU 124-3	1	1	1	1	0	0	0	1	1	1	0	0	0	1	1	0	1
Li 14	0	1	1	1	1	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0	1	0
Li 68	1	0	0	1	1	1	0	0	1	0	0	0	1	0	0	1	0
Li 80	1	1	1	1	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0
Li 97	1	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
ML 61	0	1	1	1	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	1	1
Ri 55	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	1	1
SM 108-4	0	1	1	0	1	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0
SN 121	0	1	1	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
SN 129-1	0	0	1	0	1	1	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0
SP 3-2	1	0	1	1	1	0	0	0	1	0	1	1	1	1	1	1	1
SP 44	1	0	0	1	1	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	1
TB 39-4	1	1	0	1	1	1	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	1
TB 37-2	1	0	0	1	1	0	0	1	0	0	1	0	0	1	0	0	1
TB 55	1	1	0	1	1	0	0	1	1	0	1	0	0	1	0	0	0
TB 56-4	1	1	0	1	1	1	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0
TB 56-5	0	0	0	1	1	1	0	1	0	0	1	0	0	1	0	0	0
UN 03	0	0	0	1	1	0	0	1	1	0	1	0	0	1	1	1	0
UN 06	0	0	0	1	1	1	0	1	1	0	1	0	0	1	0	0	0
UN 6-1	0	1	0	1	1	1	0	1	1	1	1	0	0	1	0	0	0
YA 159	1	1	1	1	1	0	0	0	0	1	1	0	1	1	1	0	0
YA 165-3	0	1	1	1	1	0	0	0	1	1	1	0	1	1	0	0	0
Frec p	0,25	0,39	0,21	0,63	0,54	0,21	0,03	0,33	0,33	0,16	0,20	0,15	0,21	0,36	0,31	0,22	0,25
Frec q	0,75	0,61	0,79	0,37	0,46	0,79	0,97	0,67	0,67	0,84	0,80	0,85	0,79	0,64	0,69	0,78	0,75
hetero	0,37	0,48	0,33	0,47	0,50	0,33	0,06	0,44	0,44	0,27	0,31	0,25	0,33	0,46	0,43	0,34	0,37
het inses	0,37	0,48	0,33	0,47	0,50	0,33	0,06	0,45	0,45	0,27	0,32	0,26	0,33	0,46	0,44	0,35	0,37
het dire	0,37	0,48	0,33	0,47	0,50	0,33	0,06	0,44	0,44	0,27	0,31	0,25	0,33	0,46	0,43	0,34	0,37

Continuación Anexo 8.

Genotipo	CT11	CT12	CT13	CT14	CT15	CT16	CT17	CT18	CT19	CT22	CT21	CT22	CT23	CT24	CT25	CGA1	CGA2
AN 160	1	1	1	1	0	1	1	0	1	1	1	1	0	1	0	1	0
AR 19	0	1	1	1	1	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0
CH 92	0	0	0	1	1	0	1	1	0	1	1	1	1	0	0	1	0
CH 92-1	0	1	0	1	1	0	1	0	1	1	0	0	0	0	0	1	1
CH 81-1	0	1	1	1	1	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	1	1
CH 102	1	1	0	1	1	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0
CH 94-1	0	1	0	1	1	0	0	0	1	1	0	1	1	1	0	0	0
CH 67	0	1	1	1	1	0	1	0	1	1	0	1	1	1	0	1	0
CH 76	0	1	1	1	1	0	1	0	1	1	0	0	1	1	0	1	1
CH 63	0	1	1	1	1	0	1	0	1	1	0	0	0	0	0	1	0
CH 91	0	1	1	0	1	0	1	0	1	1	0	1	1	0	0	1	0
CH 95-2	0	1	1	1	1	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0
CH 90-4	1	1	0	1	1	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1
CO 145	0	1	1	1	1	0	0	1	1	1	0	1	0	0	0	0	1
CO 136-4	0	1	0	1	1	0	0	0	1	1	0	1	0	0	0	1	0
CO 137-2	0	1	0	1	1	1	0	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0
CO 141	0	1	1	0	0	0	0	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0
CO 155-2	0	1	1	1	1	0	0	1	1	1	0	1	0	0	0	0	0
CO 167-2	0	1	1	1	1	1	0	0	1	1	0	1	0	0	0	1	0
CO 169-3	0	1	0	1	1	0	0	0	1	1	0	1	0	0	0	0	0
FL 177-1	1	1	1	1	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	1	0
FL 188-4	0	0	1	1	1	0	1	0	1	1	0	1	1	0	0	1	0
FL 185-1	0	0	1	1	1	0	1	0	1	1	0	1	1	0	0	1	1
FL 183-3	0	0	1	1	1	0	1	0	1	1	0	1	1	0	0	1	0
GU 118-3	0	0	1	1	1	1	0	0	1	1	0	1	1	0	0	1	0
GU 128-1	0	0	1	1	1	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	1
GU 113	0	0	1	1	1	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	1	1
GU 112	0	0	1	1	1	0	0	0	1	1	0	1	1	0	0	1	1
GU 118-1	0	0	1	1	1	0	0	0	1	1	0	1	1	0	1	1	1
GU 124-3	0	0	1	1	1	0	0	0	1	1	0	1	1	0	1	1	1
Li 14	0	0	1	0	1	0	0	0	1	1	0	0	0	0	1	0	0
Li 68	1	1	1	0	1	0	0	1	1	0	1	0	0	1	0	0	1
Li 80	1	1	1	0	1	0	0	1	1	0	1	0	0	1	0	0	1
Li 97	0	1	1	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	1
ML 61	1	1	1	1	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	1
Ri 55	1	1	1	0	0	0	1	0	1	0	1	0	1	0	0	1	1
SM 108-4	1	0	1	0	0	0	1	0	1	0	1	0	1	0	0	1	0
SN 121	1	0	1	0	0	0	1	0	1	0	1	0	0	0	0	1	0
SN 129-1	1	1	1	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0
SP 3-2	1	1	1	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0
SP 44	1	1	1	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0	1	0
TB 39-4	0	1	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	1	1	0	0	0
TB 37-2	0	1	1	1	1	0	1	1	1	1	1	0	1	1	0	1	0
TB 55	0	1	0	0	1	0	0	1	1	1	1	0	1	1	0	0	1
TB 56-4	0	1	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	1
TB 56-5	0	1	0	0	1	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	1	0
UN 03	0	1	0	1	1	0	0	1	1	1	1	1	1	0	0	1	0
UN 06	0	1	0	0	1	1	0	1	0	1	0	0	0	0	0	1	0
UN 6-1	0	1	1	1	1	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0
YA 159	0	1	1	1	1	0	0	1	1	1	0	0	0	1	0	0	0
YA 165-3	0	1	1	1	1	0	0	1	1	1	0	0	0	1	0	1	0
Frec p	0,14	0,50	0,48	0,46	0,51	0,08	0,15	0,17	0,58	0,56	0,15	0,22	0,21	0,13	0,03	0,37	0,20
Frec q	0,86	0,50	0,52	0,54	0,49	0,92	0,85	0,83	0,42	0,44	0,85	0,78	0,79	0,87	0,97	0,63	0,80
hetero	0,24	0,50	0,50	0,50	0,50	0,15	0,25	0,28	0,49	0,49	0,25	0,34	0,33	0,22	0,06	0,47	0,31
het inses	0,24	0,50	0,50	0,50	0,50	0,15	0,26	0,29	0,49	0,50	0,26	0,35	0,33	0,22	0,06	0,47	0,32
het dire	0,24	0,50	0,50	0,50	0,50	0,15	0,25	0,28	0,49	0,49	0,25	0,34	0,33	0,22	0,06	0,47	0,31

Continuación Anexo 8.

Genotipo	CGA3	CGA4	CGA5	CGA6	CGA7	CGA8	CGA9	CGA12	CGA11	CGA12	CGA13	CGA14	CGA15
AN 160	0	1	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0
AR 19	0	1	0	1	0	1	0	0	0	1	0	0	0
CH 92	0	0	0	1	1	1	0	1	1	0	0	1	0
CH 92-1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
CH 81-1	1	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0
CH 102	0	1	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0
CH 94-1	0	1	1	0	1	1	0	0	1	0	1	0	0
CH 67	0	0	1	0	1	1	0	1	1	0	1	0	0
CH 76	0	1	0	1	0	0	0	0	1	0	0	1	0
CH 63	0	1	1	1	0	1	0	1	0	0	1	0	0
CH 91	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0
CH 95-2	1	0	0	1	1	1	0	1	1	0	0	1	1
CH 90-4	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
CO 145	0	0	1	1	0	1	0	1	0	0	1	1	1
CO 136-4	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	1
CO 137-2	1	1	0	0	0	1	0	1	1	0	1	0	1
CO 141	1	0	0	0	0	1	0	1	1	1	1	0	1
CO 155-2	1	0	1	1	1	1	0	1	1	1	1	0	1
CO 167-2	1	0	0	1	0	0	0	1	0	0	1	0	1
CO 169-3	1	0	0	0	1	1	0	1	1	1	1	1	1
FL 177-1	0	1	0	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0
FL 188-4	1	1	1	0	1	1	1	1	1	0	0	0	0
FL 185-1	1	0	1	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0
FL 183-3	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0
GU 118-3	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	1	0
GU 128-1	0	0	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0
GU 113	1	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0
GU 112	1	1	1	0	0	0	0	1	0	0	0	1	1
GU 118-1	1	0	1	0	0	0	0	1	1	0	0	0	1
GU 124-3	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0	0
Li 14	1	0	1	0	0	1	1	0	0	1	0	0	0
Li 68	0	0	0	1	0	0	0	0	1	1	0	1	1
Li 80	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	1
Li 97	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	1	1
ML 61	1	1	1	1	0	1	1	1	0	0	0	0	0
Ri 55	1	0	0	1	0	1	0	1	1	0	1	1	1
SM 108-4	1	1	1	0	1	1	1	1	0	0	0	0	0
SN 121	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0	0
SN 129-1	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	0	0
SP 3-2	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0
SP 44	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	1	1	1
TB 39-4	0	0	0	0	0	1	1	1	1	0	1	1	1
TB 37-2	0	0	0	0	1	0	1	1	1	1	1	1	1
TB 55	0	0	0	1	0	1	0	0	1	0	0	1	1
TB 56-4	0	0	0	1	0	1	1	0	1	0	0	1	1
TB 56-5	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	1	1	1
UN 03	0	0	0	0	1	0	0	0	1	1	1	1	1
UN 06	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	1	0
UN 6-1	0	0	0	0	1	0	1	0	1	0	1	1	1
YA 159	0	0	0	0	1	0	1	0	1	1	0	1	1
YA 165-3	0	0	1	1	0	1	0	1	0	1	0	1	1
Frec p	0,25	0,20	0,22	0,25	0,27	0,36	0,20	0,30	0,37	0,16	0,21	0,29	0,29
Frec q	0,75	0,80	0,78	0,75	0,73	0,64	0,80	0,70	0,63	0,84	0,79	0,71	0,71
hetero	0,37	0,31	0,34	0,37	0,40	0,46	0,31	0,42	0,47	0,27	0,33	0,41	0,41
het inses	0,37	0,32	0,35	0,37	0,40	0,46	0,32	0,42	0,47	0,27	0,33	0,41	0,41
het dire	0,37	0,31	0,34	0,37	0,40	0,46	0,31	0,42	0,47	0,27	0,33	0,41	0,41

Continuación Anexo 8.

Genotipo	CGA16	CGA17	CGA18	CGA19	CCA1	CCA2	CCA3	CCA4	CCA5	CCA6	CCA7	CCA8	CCA9
AN 160	1	1	1	1	1	1	0	1	0	1	1	0	0
AR 19	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	1	1	0
CH 92	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	1	0	0
CH 92-1	0	0	1	1	1	0	0	0	1	1	1	0	0
CH 81-1	0	0	1	1	1	0	0	0	0	1	1	0	0
CH 102	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0
CH 94-1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0
CH 67	0	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0
CH 76	0	1	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0
CH 63	0	0	0	0	1	1	1	1	0	0	0	1	1
CH 91	1	0	1	1	1	1	0	0	1	1	0	0	0
CH 95-2	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	1	1	0
CH 90-4	0	0	1	1	1	0	1	1	0	1	1	1	1
CO 145	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	1	0	0
CO 136-4	1	0	1	1	1	0	1	1	0	1	1	1	1
CO 137-2	0	0	0	0	1	0	1	1	0	0	1	0	0
CO 141	0	0	0	0	1	0	1	1	0	0	1	0	0
CO 155-2	0	0	0	0	1	0	1	1	0	0	1	0	0
CO 167-2	1	0	0	1	1	0	0	0	0	0	1	1	0
CO 169-3	0	0	0	0	1	0	1	1	0	0	1	1	0
FL 177-1	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	1	1	1
FL 188-4	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	1	1	1
FL 185-1	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	1	1	1
FL 183-3	1	0	1	1	0	0	0	1	0	0	1	1	1
GU 118-3	1	0	1	1	0	0	1	0	0	0	1	1	1
GU 128-1	0	0	0	0	1	0	1	1	1	0	0	1	1
GU 113	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	1	1
GU 112	0	1	0	1	1	0	1	0	0	1	0	1	1
GU 118-1	0	1	0	0	1	0	0	0	0	1	0	1	1
GU 124-3	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0	1	1
Li 14	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	1	1
Li 68	1	0	0	0	1	0	1	1	0	0	0	1	1
Li 80	1	0	0	0	1	0	0	1	0	0	1	1	1
Li 97	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	1	1
ML 61	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	1	1	0
Ri 55	1	0	0	0	1	1	0	1	0	0	0	1	1
SM 108-4	0	0	0	0	1	1	1	1	0	0	0	1	1
SN 121	0	0	0	0	1	0	1	1	1	0	1	1	1
SN 129-1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1
SP 3-2	0	0	0	0	1	1	0	0	1	0	0	0	1
SP 44	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1
TB 39-4	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1
TB 37-2	1	0	1	0	1	1	0	0	1	0	1	1	1
TB 55	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	1	1	1
TB 56-4	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	1	1
TB 56-5	0	0	0	0	1	1	1	1	1	0	0	1	1
UN 03	0	0	1	0	1	1	1	1	1	0	0	1	1
UN 06	1	1	0	0	0	1	1	0	1	1	1	1	1
UN 6-1	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
YA 159	0	0	1	0	0	1	0	1	1	0	1	1	0
YA 165-3	1	0	0	1	0	0	0	0	1	0	1	1	0
Frec p	0,17	0,06	0,15	0,15	0,51	0,17	0,25	0,31	0,14	0,14	0,44	0,44	0,37
Frec q	0,83	0,94	0,85	0,85	0,49	0,83	0,75	0,69	0,86	0,86	0,56	0,56	0,63
hetero	0,28	0,11	0,25	0,25	0,50	0,28	0,37	0,43	0,24	0,24	0,49	0,49	0,47
het inses	0,29	0,12	0,26	0,26	0,50	0,29	0,37	0,44	0,24	0,24	0,50	0,50	0,47
het dire	0,28	0,11	0,25	0,25	0,50	0,28	0,37	0,43	0,24	0,24	0,49	0,49	0,47

Continuación Anexo 8.

Genotipo	CCA12	CCA11	CCA12	CCA13	CCA14	CCA15	CCA16	CCA17
AN 160	1	1	1	0	0	0	1	0
AR 19	1	1	1	0	1	1	1	1
CH 92	1	1	1	0	0	1	1	1
CH 92-1	1	1	1	0	0	1	1	1
CH 81-1	1	1	1	0	0	1	1	1
CH 102	1	1	1	1	1	1	1	1
CH 94-1	1	1	1	0	0	1	1	1
CH 67	1	1	1	0	0	1	0	0
CH 76	1	1	1	0	0	1	0	0
CH 63	1	1	1	0	0	1	1	1
CH 91	1	1	1	0	0	1	0	1
CH 95-2	1	1	1	0	0	1	1	1
CH 90-4	1	1	0	1	0	0	0	0
CO 145	1	1	1	1	0	0	1	1
CO 136-4	1	1	0	1	1	1	1	1
CO 137-2	1	1	0	1	1	0	0	0
CO 141	1	1	1	0	0	1	1	1
CO 155-2	1	1	1	0	0	1	1	1
CO 167-2	1	0	1	1	0	1	1	1
CO 169-3	1	1	1	1	0	1	1	0
FL 177-1	1	1	0	0	1	0	0	0
FL 188-4	1	1	0	0	1	0	0	0
FL 185-1	1	1	0	0	1	0	0	0
FL 183-3	1	1	0	1	0	0	0	1
GU 118-3	0	0	0	0	0	1	0	1
GU 128-1	0	0	0	0	1	1	0	0
GU 113	1	1	0	0	0	0	0	0
GU 112	1	1	1	0	1	0	0	1
GU 118-1	0	1	1	0	1	0	0	1
GU 124-3	0	1	1	0	0	0	0	0
Li 14	1	1	1	1	1	0	1	0
Li 68	0	1	1	0	0	1	0	0
Li 80	1	1	1	0	1	0	0	0
Li 97	1	1	1	0	0	1	0	0
ML 61	1	1	1	0	0	1	0	0
Ri 55	0	1	1	0	0	0	0	0
SM 108-4	1	1	1	0	0	0	0	0
SN 121	1	1	0	1	0	0	0	0
SN 129-1	1	1	0	0	0	0	0	0
SP 3-2	0	1	0	0	0	0	0	0
SP 44	0	1	0	1	0	1	0	0
TB 39-4	1	1	0	0	0	0	0	0
TB 37-2	1	1	0	1	0	0	0	0
TB 55	1	1	0	1	0	1	0	0
TB 56-4	0	1	0	1	0	1	0	0
TB 56-5	0	1	0	1	0	1	0	0
UN 03	1	1	1	1	0	1	0	1
UN 06	0	1	1	1	0	1	0	1
UN 6-1	0	1	1	1	0	1	0	1
YA 159	0	1	0	1	0	0	0	0
YA 165-3	0	1	0	1	0	0	0	0
Frec p	0,48	0,76	0,36	0,22	0,13	0,33	0,17	0,23
Frec q	0,52	0,24	0,64	0,78	0,87	0,67	0,83	0,77
hetero	0,50	0,37	0,46	0,34	0,22	0,44	0,28	0,36
het inses	0,50	0,37	0,46	0,35	0,22	0,45	0,29	0,36
het dire	0,50	0,37	0,46	0,34	0,22	0,44	0,28	0,36

Anexo 9. Resumen de las estadísticas de variación genética para todos los locí generados por los seis cebadores RAMs.

Locus	N	alelo *p*	alelo *q*	A	Ae	he	Locus	N	alelo *p*	alelo *q*	A	Ae	He
CA1	51	0,515	0,485	2,00	2,00	0,499	CT3	51	0,160	0,840	2,00	1,37	0,269
CA2	51	0,246	0,754	2,00	1,59	0,371	CT4	51	0,196	0,804	2,00	1,46	0,315
CA3	51	0,314	0,686	2,00	1,76	0,431	CT5	51	0,148	0,852	2,00	1,34	0,252
CA4	51	0,246	0,754	2,00	1,59	0,371	CT6	51	0,208	0,792	2,00	1,49	0,329
CA5	51	0,374	0,626	2,00	1,88	0,468	CT7	51	0,358	0,642	2,00	1,85	0,460
CA6	51	0,458	0,542	2,00	1,99	0,496	CT8	51	0,314	0,686	2,00	1,76	0,431
CA7	51	0,328	0,672	2,00	1,79	0,441	CT9	51	0,220	0,780	2,00	1,52	0,344
CA8	51	0,358	0,642	2,00	1,85	0,460	CT12	51	0,246	0,754	2,00	1,59	0,371
CA9	51	0,374	0,626	2,00	1,88	0,468	CT11	51	0,137	0,863	2,00	1,31	0,236
CA10	51	0,580	0,420	2,00	1,95	0,487	CT12	51	0,495	0,505	2,00	2,00	0,500
CA11	51	0,172	0,828	2,00	1,40	0,284	CT13	51	0,476	0,524	2,00	2,00	0,499
CA12	51	0,515	0,485	2,00	2,00	0,500	CT14	51	0,458	0,542	2,00	1,99	0,496
CA13	51	0,148	0,852	2,00	1,34	0,252	CT15	51	0,515	0,485	2,00	2,00	0,500
CA14	51	0,286	0,714	2,00	1,69	0,408	CT16	51	0,082	0,918	2,00	1,18	0,150
CA15	51	0,286	0,714	2,00	1,69	0,408	CT17	51	0,148	0,852	2,00	1,34	0,252
CA16	51	0,184	0,817	2,00	1,43	0,300	CT18	51	0,172	0,828	2,00	1,40	0,284
CA17	51	0,061	0,939	2,00	1,13	0,114	CT19	51	0,580	0,420	2,00	1,95	0,487
AG1	51	0,580	0,420	2,00	1,95	0,487	CT22	51	0,557	0,443	2,00	1,97	0,493
AG2	51	0,536	0,464	2,00	1,99	0,497	CT21	51	0,148	0,852	2,00	1,34	0,252
AG3	51	0,208	0,792	2,00	1,49	0,329	CT22	51	0,220	0,780	2,00	1,52	0,344
AG4	51	0,148	0,852	2,00	1,34	0,252	CT23	51	0,208	0,792	2,00	1,49	0,329
AG5	51	0,126	0,875	2,00	1,28	0,219	CT24	51	0,126	0,875	2,00	1,28	0,219
AG6	51	0,390	0,610	2,00	1,91	0,476	CT25	51	0,030	0,970	2,00	1,06	0,058
AG7	51	0,172	0,828	2,00	1,40	0,284	CGA1	51	0,374	0,626	2,00	1,88	0,468
AG8	51	0,358	0,642	2,00	1,85	0,460	CGA2	51	0,196	0,804	2,00	1,46	0,315
AG9	51	0,406	0,594	2,00	1,93	0,482	CGA3	51	0,246	0,754	2,00	1,59	0,371
AG12	51	0,196	0,804	2,00	1,46	0,315	CGA4	51	0,196	0,804	2,00	1,46	0,315
AG11	51	0,196	0,804	2,00	1,46	0,315	CGA5	51	0,220	0,780	2,00	1,52	0,344
AG12	51	0,314	0,686	2,00	1,76	0,431	CGA6	51	0,246	0,754	2,00	1,59	0,371
AG13	51	0,314	0,686	2,00	1,76	0,431	CGA7	51	0,272	0,728	2,00	1,66	0,396
AG14	51	0,246	0,754	2,00	1,59	0,371	CGA8	51	0,358	0,642	2,00	1,85	0,460
AG15	51	0,050	0,950	2,00	1,11	0,096	CGA9	51	0,196	0,804	2,00	1,46	0,315
AG16	51	0,184	0,817	2,00	1,43	0,300	CGA12	51	0,300	0,700	2,00	1,72	0,420
AG17	51	0,103	0,897	2,00	1,23	0,185	CGA11	51	0,374	0,626	2,00	1,88	0,468
TG1	51	0,515	0,485	2,00	2,00	0,500	CGA12	51	0,160	0,840	2,00	1,37	0,269
TG2	51	0,343	0,657	2,00	1,82	0,451	CGA13	51	0,208	0,792	2,00	1,49	0,329
TG3	51	0,343	0,657	2,00	1,82	0,451	CGA14	51	0,286	0,714	2,00	1,69	0,408
TG4	51	0,343	0,657	2,00	1,82	0,451	CGA15	51	0,286	0,714	2,00	1,69	0,408
TG5	51	0,184	0,817	2,00	1,43	0,300	CGA16	51	0,172	0,828	2,00	1,40	0,284
TG6	51	0,220	0,780	2,00	1,52	0,344	CGA17	51	0,061	0,939	2,00	1,13	0,114
TG7	51	0,286	0,714	2,00	1,69	0,408	CGA18	51	0,148	0,852	2,00	1,34	0,252
TG8	51	0,440	0,560	2,00	1,97	0,493	CGA19	51	0,148	0,852	2,00	1,34	0,252
TG9	51	0,495	0,505	2,00	2,00	0,500	CCA1	51	0,515	0,485	2,00	2,00	0,500
TG12	51	0,300	0,700	2,00	1,72	0,420	CCA2	51	0,172	0,828	2,00	1,40	0,284
TG11	51	0,374	0,626	2,00	1,88	0,468	CCA3	51	0,246	0,754	2,00	1,59	0,371
TG12	51	0,328	0,672	2,00	1,79	0,441	CCA4	51	0,314	0,686	2,00	1,76	0,431
TG13	51	0,374	0,626	2,00	1,88	0,468	CCA5	51	0,137	0,863	2,00	1,31	0,236
TG14	51	0,536	0,464	2,00	1,99	0,497	CCA6	51	0,137	0,863	2,00	1,31	0,236
TG15	51	0,580	0,420	2,00	1,95	0,487	CCA7	51	0,440	0,560	2,00	1,97	0,493
TG16	51	0,300	0,700	2,00	1,72	0,420	CCA8	51	0,440	0,560	2,00	1,97	0,493
TG17	51	0,343	0,657	2,00	1,82	0,451	CCA9	51	0,374	0,626	2,00	1,88	0,468
TG18	51	0,246	0,754	2,00	1,59	0,371	CCA12	51	0,476	0,524	2,00	2,00	0,499
TG19	51	0,390	0,610	2,00	1,91	0,476	CCA11	51	0,758	0,243	2,00	1,58	0,367
TG22	51	0,208	0,792	2,00	1,49	0,329	CCA12	51	0,358	0,642	2,00	1,85	0,460
TG21	51	0,630	0,371	2,00	1,87	0,466	CCA13	51	0,220	0,780	2,00	1,52	0,344
TG22	51	0,536	0,464	2,00	1,99	0,497	CCA14	51	0,126	0,875	2,00	1,28	0,219
TG23	51	0,208	0,792	2,00	1,49	0,329	CCA15	51	0,328	0,672	2,00	1,79	0,441
TG24	51	0,030	0,970	2,00	1,06	0,058	CCA16	51	0,172	0,828	2,00	1,40	0,284
CT1	51	0,328	0,672	2,00	1,79	0,441	CCA17	51	0,233	0,767	2,00	1,56	0,357
CT2	51	0,328	0,672	2,00	1,79	0,441							
										Media	2,00	1,64	0,37
										DE	0	0,262	0,109

Anexo 10. Identidades (encima de la diagonal) y distancias genéticas insesgada (debajo de la diagonal) de Nei (1978) para 51 genotipos de Balso blanco *Heliocarpus americanus* Watss. evaluadas con seis marcadores de tipo RAMs.

	GENOTIPO	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26
1	AN 160		0,66	0,54	0,63	0,50	0,52	0,53	0,61	0,61	0,60	0,63	0,55	0,55	0,52	0,58	0,47	0,51	0,54	0,59	0,46	0,59	0,55	0,56	0,66	0,48	0,45
2	AR 19	0,41		0,62	0,70	0,59	0,62	0,65	0,64	0,59	0,66	0,56	0,64	0,57	0,57	0,61	0,52	0,58	0,61	0,59	0,51	0,61	0,52	0,56	0,58	0,53	0,61
3	CO 145	0,62	0,48		0,64	0,61	0,56	0,59	0,60	0,56	0,59	0,54	0,58	0,48	0,58	0,61	0,58	0,57	0,56	0,53	0,52	0,46	0,50	0,45	0,50	0,49	0,55
4	CO 136-4	0,46	0,36	0,45		0,67	0,55	0,55	0,57	0,59	0,56	0,63	0,57	0,57	0,57	0,56	0,44	0,53	0,52	0,59	0,48	0,52	0,50	0,58	0,66	0,53	0,50
5	CO 137-2	0,68	0,53	0,49	0,40		0,76	0,62	0,58	0,60	0,57	0,64	0,65	0,60	0,63	0,57	0,51	0,55	0,58	0,61	0,55	0,48	0,53	0,52	0,54	0,62	0,58
6	CO 141	0,65	0,48	0,57	0,59	0,27		0,74	0,60	0,55	0,62	0,57	0,60	0,60	0,61	0,57	0,58	0,50	0,56	0,61	0,57	0,56	0,55	0,52	0,52	0,55	0,61
7	CO 155-2	0,64	0,44	0,53	0,60	0,48	0,30		0,71	0,59	0,60	0,53	0,57	0,54	0,64	0,58	0,59	0,56	0,64	0,62	0,63	0,55	0,64	0,58	0,50	0,58	0,57
8	CO 167-2	0,50	0,45	0,52	0,56	0,55	0,52	0,35		0,75	0,72	0,61	0,61	0,53	0,60	0,54	0,55	0,61	0,65	0,58	0,59	0,58	0,66	0,62	0,57	0,57	0,58
9	CO 169-3	0,50	0,53	0,57	0,53	0,52	0,60	0,53	0,29		0,71	0,61	0,60	0,60	0,51	0,55	0,51	0,55	0,60	0,51	0,52	0,55	0,60	0,57	0,50	0,52	0,63
10	CH 92	0,52	0,41	0,53	0,57	0,56	0,48	0,52	0,32	0,35		0,65	0,66	0,61	0,59	0,60	0,59	0,61	0,66	0,62	0,56	0,59	0,55	0,53	0,55	0,53	0,69
11	CH 92-1	0,46	0,57	0,62	0,46	0,45	0,56	0,64	0,50	0,50	0,44		0,74	0,61	0,62	0,53	0,45	0,51	0,57	0,61	0,50	0,54	0,57	0,58	0,70	0,56	0,57
12	CH 81-1	0,59	0,45	0,55	0,56	0,44	0,52	0,56	0,49	0,52	0,42	0,30		0,70	0,68	0,55	0,58	0,64	0,70	0,60	0,64	0,61	0,61	0,61	0,55	0,54	0,61
13	CH 102	0,59	0,56	0,74	0,56	0,52	0,52	0,62	0,64	0,52	0,50	0,50	0,36		0,61	0,64	0,63	0,57	0,55	0,56	0,61	0,58	0,53	0,55	0,59	0,54	0,61
14	CH 94-1	0,65	0,56	0,55	0,56	0,46	0,49	0,45	0,52	0,67	0,53	0,48	0,38	0,49		0,64	0,65	0,62	0,71	0,66	0,62	0,51	0,55	0,55	0,61	0,55	0,58
15	CH 67	0,55	0,49	0,50	0,57	0,56	0,56	0,55	0,62	0,59	0,52	0,64	0,59	0,45	0,45		0,71	0,65	0,64	0,64	0,61	0,54	0,55	0,56	0,61	0,53	0,55
16	CH 76	0,75	0,65	0,55	0,83	0,67	0,55	0,53	0,60	0,67	0,53	0,79	0,55	0,46	0,44	0,35		0,74	0,68	0,58	0,67	0,48	0,55	0,49	0,40	0,47	0,56
17	CH 63	0,67	0,55	0,56	0,64	0,59	0,68	0,57	0,50	0,59	0,49	0,67	0,45	0,56	0,48	0,44	0,30		0,79	0,61	0,75	0,57	0,61	0,58	0,50	0,48	0,59
18	CH 91	0,62	0,50	0,57	0,65	0,55	0,57	0,45	0,44	0,52	0,42	0,56	0,36	0,60	0,34	0,45	0,38	0,24		0,71	0,74	0,55	0,63	0,62	0,52	0,49	0,63
19	CH 95-2	0,53	0,53	0,64	0,53	0,49	0,49	0,48	0,55	0,67	0,48	0,50	0,52	0,57	0,41	0,45	0,55	0,50	0,34		0,69	0,58	0,56	0,52	0,64	0,61	0,51
20	CH 90-4	0,77	0,67	0,65	0,74	0,59	0,56	0,46	0,53	0,65	0,57	0,70	0,45	0,50	0,48	0,49	0,40	0,29	0,30	0,37		0,67	0,69	0,63	0,51	0,53	0,59
21	GU 118-3	0,53	0,50	0,77	0,65	0,74	0,57	0,59	0,55	0,60	0,53	0,62	0,49	0,55	0,67	0,62	0,74	0,56	0,60	0,55	0,40		0,80	0,76	0,66	0,49	0,61
22	GU 128-1	0,59	0,65	0,70	0,68	0,64	0,60	0,45	0,41	0,52	0,59	0,56	0,49	0,64	0,60	0,59	0,60	0,50	0,46	0,57	0,37	0,23		0,91	0,66	0,55	0,66
23	GU 113	0,57	0,57	0,79	0,55	0,65	0,65	0,55	0,48	0,56	0,64	0,55	0,50	0,59	0,59	0,57	0,72	0,55	0,48	0,65	0,46	0,28	0,10		0,71	0,56	0,67
24	GU 112	0,41	0,55	0,68	0,41	0,62	0,65	0,70	0,56	0,68	0,60	0,36	0,59	0,53	0,50	0,49	0,91	0,70	0,65	0,45	0,67	0,42	0,42	0,34		0,66	0,52
25	GU 118-1	0,74	0,64	0,72	0,64	0,48	0,59	0,55	0,56	0,65	0,64	0,57	0,62	0,62	0,59	0,64	0,75	0,74	0,72	0,50	0,64	0,72	0,59	0,57	0,41		0,62
26	GU 124-3	0,79	0,50	0,60	0,68	0,55	0,49	0,56	0,55	0,46	0,37	0,56	0,49	0,49	0,55	0,59	0,57	0,53	0,46	0,67	0,53	0,49	0,41	0,40	0,65	0,48	
27	TB 39-4	0,64	0,49	0,62	0,60	0,56	0,50	0,60	0,59	0,50	0,36	0,60	0,42	0,48	0,59	0,67	0,59	0,64	0,50	0,68	0,57	0,45	0,37	0,31	0,57	0,55	0,21
28	TB 37-2	0,67	0,64	0,62	0,55	0,53	0,56	0,70	0,62	0,59	0,49	0,55	0,62	0,53	0,48	0,60	0,68	0,70	0,72	0,59	0,60	0,65	0,56	0,55	0,55	0,46	0,59
29	TB 55	0,77	0,57	0,59	0,64	0,50	0,56	0,60	0,50	0,59	0,57	0,60	0,53	0,50	0,56	0,60	0,62	0,64	0,65	0,62	0,60	0,59	0,48	0,49	0,60	0,46	0,50
30	TB 56-4	0,60	0,52	0,68	0,74	0,72	0,65	0,67	0,45	0,56	0,49	0,60	0,50	0,59	0,68	0,64	0,68	0,60	0,56	0,79	0,60	0,48	0,37	0,38	0,64	0,60	0,45
31	TB 56-5	0,70	0,64	0,91	0,77	0,65	0,50	0,60	0,68	0,75	0,57	0,74	0,53	0,56	0,56	0,60	0,56	0,52	0,53	0,62	0,36	0,45	0,35	0,36	0,64	0,64	0,50
32	FL 177-1	0,64	0,64	0,72	0,77	0,83	0,72	0,60	0,65	0,59	0,57	0,81	0,68	0,56	0,59	0,64	0,65	0,64	0,65	0,65	0,52	0,59	0,68	0,67	0,74	0,70	0,65
33	FL 188-4	0,52	0,49	0,75	0,67	0,65	0,62	0,67	0,62	0,59	0,57	0,57	0,48	0,50	0,53	0,60	0,62	0,55	0,56	0,75	0,64	0,50	0,62	0,49	0,55	0,67	0,56
34	FL 185-1	0,75	0,62	0,64	0,72	0,74	0,74	0,62	0,67	0,57	0,56	0,72	0,57	0,52	0,52	0,53	0,57	0,50	0,57	0,64	0,56	0,55	0,67	0,65	0,65	0,56	0,57
35	FL 183-3	0,57	0,52	0,79	0,64	0,65	0,65	0,67	0,59	0,56	0,49	0,55	0,35	0,48	0,50	0,74	0,59	0,46	0,45	0,68	0,49	0,32	0,37	0,34	0,55	0,85	0,48
36	UN 03	0,59	0,68	0,81	0,72	0,85	0,89	0,79	0,57	0,64	0,56	0,59	0,46	0,60	0,64	0,79	0,67	0,53	0,64	0,67	0,53	0,41	0,44	0,45	0,62	0,79	0,67
37	UN 06	0,65	0,72	0,74	0,72	0,81	0,74	0,62	0,52	0,67	0,59	0,62	0,55	0,64	0,70	0,87	0,74	0,56	0,67	0,77	0,48	0,41	0,31	0,35	0,59	0,79	0,55
38	UN 6-1	0,62	0,72	0,74	0,65	0,81	0,74	0,72	0,64	0,67	0,68	0,68	0,52	0,67	0,64	0,72	0,67	0,59	0,49	0,74	0,53	0,41	0,34	0,35	0,56	0,79	0,55
39	Li 14	0,67	0,64	0,68	0,67	0,65	0,59	0,52	0,59	0,87	0,74	0,77	0,62	0,65	0,62	0,74	0,68	0,57	0,56	0,65	0,52	0,45	0,48	0,52	0,52	0,67	0,72
40	Li 68	0,62	0,62	0,85	0,59	0,67	0,64	0,56	0,55	0,67	0,56	0,56	0,52	0,64	0,70	0,83	0,77	0,72	0,60	0,74	0,68	0,36	0,46	0,48	0,62	0,79	0,52
41	Li 80	0,64	0,74	0,75	0,67	0,68	0,65	0,60	0,62	0,59	0,70	0,52	0,56	0,53	0,65	0,57	0,79	0,67	0,68	0,65	0,67	0,53	0,62	0,60	0,52	0,60	0,59
42	Li 97	0,77	0,70	0,56	0,77	0,72	0,65	0,60	0,59	0,68	0,60	0,60	0,59	0,56	0,62	0,55	0,53	0,49	0,59	0,56	0,44	0,42	0,48	0,55	0,52	0,64	0,62
43	ML 61	0,62	0,65	0,64	0,68	0,74	0,70	0,62	0,55	0,64	0,65	0,53	0,55	0,64	0,60	0,59	0,67	0,65	0,55	0,60	0,53	0,49	0,49	0,50	0,48	0,59	0,67
44	Ri 55	0,74	0,60	0,50	0,70	0,72	0,56	0,57	0,59	0,50	0,52	0,70	0,59	0,50	0,59	0,55	0,50	0,57	0,53	0,65	0,57	0,59	0,65	0,67	0,67	0,70	0,50
45	SM 108-4	0,93	0,74	0,65	0,74	0,87	0,68	0,70	0,72	0,59	0,52	0,60	0,56	0,48	0,59	0,60	0,56	0,60	0,56	0,75	0,64	0,59	0,68	0,67	0,70	0,70	0,42
46	SP 3-2	0,75	0,72	0,57	0,65	0,81	0,70	0,59	0,57	0,60	0,50	0,53	0,49	0,52	0,55	0,56	0,55	0,56	0,57	0,57	0,45	0,55	0,55	0,62	0,56	0,62	0,44
47	SP 44	0,64	0,64	0,65	0,70	0,75	0,68	0,55	0,50	0,59	0,57	0,41	0,48	0,50	0,40	0,49	0,50	0,49	0,45	0,56	0,38	0,62	0,53	0,57	0,52	0,55	0,53
48	SN 121	0,68	0,65	0,64	0,68	0,74	0,60	0,65	0,67	0,74	0,68	0,45	0,46	0,46	0,57	0,53	0,64	0,72	0,70	0,60	0,53	0,64	0,67	0,72	0,62	0,59	0,64
49	SN 129-1	0,64	0,64	0,65	0,64	0,56	0,50	0,60	0,62	0,53	0,49	0,44	0,42	0,32	0,62	0,49	0,62	0,74	0,62	0,50	0,52	0,59	0,65	0,67	0,57	0,49	0,53
50	YA 159	0,65	0,65	0,77	0,72	0,57	0,55	0,59	0,60	0,64	0,68	0,65	0,64	0,67	0,60	0,62	0,67	0,62	0,55	0,57	0,53	0,57	0,60	0,59	0,50	0,40	0,55
51	YA 165-3	0,56	0,62	0,70	0,65	0,52	0,52	0,68	0,60	0,70	0,65	0,56	0,52	0,70	0,44	0,62	0,67	0,65	0,52	0,49	0,62	0,67	0,64	0,59	0,48	0,45	0,57

Continuación Anexo 10.

	GENOTIPO	27	28	29	30	31	32	33	34	35	36	37	38	39	40	41	42	43	44	45	46	47	48	49	50	51
1	AN 160	0,53	0,51	0,46	0,55	0,50	0,53	0,60	0,47	0,56	0,55	0,52	0,54	0,51	0,54	0,53	0,46	0,54	0,48	0,40	0,47	0,53	0,50	0,53	0,52	0,57
2	AR 19	0,61	0,53	0,56	0,60	0,53	0,53	0,61	0,54	0,60	0,50	0,49	0,49	0,53	0,54	0,48	0,50	0,52	0,55	0,48	0,49	0,53	0,52	0,53	0,52	0,54
3	CO 145	0,54	0,54	0,55	0,50	0,40	0,49	0,47	0,53	0,45	0,45	0,48	0,48	0,50	0,43	0,47	0,57	0,53	0,61	0,52	0,56	0,52	0,53	0,52	0,46	0,50
4	CO 136-4	0,55	0,58	0,53	0,48	0,46	0,46	0,51	0,49	0,53	0,49	0,49	0,52	0,51	0,55	0,51	0,46	0,50	0,50	0,48	0,52	0,50	0,50	0,53	0,49	0,52
5	CO 137-2	0,57	0,59	0,61	0,49	0,52	0,44	0,52	0,48	0,52	0,43	0,45	0,45	0,52	0,51	0,50	0,49	0,48	0,49	0,42	0,45	0,47	0,48	0,57	0,56	0,60
6	CO 141	0,61	0,57	0,57	0,52	0,61	0,49	0,54	0,48	0,52	0,41	0,48	0,48	0,55	0,53	0,52	0,52	0,50	0,57	0,50	0,50	0,50	0,55	0,61	0,58	0,60
7	CO 155-2	0,55	0,50	0,55	0,51	0,55	0,55	0,51	0,54	0,51	0,45	0,54	0,49	0,60	0,57	0,55	0,55	0,54	0,56	0,50	0,55	0,58	0,52	0,55	0,55	0,50
8	CO 167-2	0,55	0,54	0,61	0,64	0,50	0,52	0,54	0,51	0,55	0,56	0,60	0,53	0,55	0,58	0,54	0,55	0,58	0,55	0,49	0,56	0,61	0,51	0,54	0,55	0,55
9	CO 169-3	0,61	0,55	0,55	0,57	0,47	0,55	0,55	0,56	0,57	0,53	0,51	0,51	0,42	0,51	0,55	0,50	0,53	0,61	0,55	0,55	0,55	0,48	0,59	0,53	0,50
10	CH 92	0,70	0,61	0,56	0,61	0,56	0,56	0,56	0,57	0,61	0,57	0,55	0,50	0,48	0,57	0,50	0,55	0,52	0,60	0,60	0,61	0,56	0,50	0,61	0,50	0,52
11	CH 92-1	0,55	0,58	0,55	0,55	0,48	0,45	0,56	0,49	0,58	0,55	0,54	0,50	0,46	0,57	0,60	0,55	0,59	0,50	0,55	0,59	0,66	0,64	0,65	0,52	0,57
12	CH 81-1	0,66	0,54	0,59	0,61	0,59	0,50	0,62	0,56	0,71	0,63	0,58	0,60	0,54	0,60	0,57	0,55	0,58	0,55	0,57	0,61	0,62	0,63	0,66	0,53	0,60
13	CH 102	0,62	0,59	0,61	0,55	0,57	0,57	0,61	0,60	0,62	0,55	0,53	0,51	0,52	0,53	0,59	0,57	0,53	0,61	0,62	0,60	0,61	0,63	0,72	0,51	0,50
14	CH 94-1	0,55	0,62	0,57	0,50	0,57	0,55	0,59	0,60	0,61	0,53	0,50	0,53	0,54	0,50	0,52	0,54	0,55	0,55	0,55	0,58	0,67	0,56	0,54	0,55	0,65
15	CH 67	0,51	0,55	0,55	0,53	0,55	0,53	0,55	0,59	0,48	0,45	0,42	0,49	0,48	0,44	0,56	0,58	0,55	0,58	0,55	0,57	0,61	0,59	0,61	0,54	0,54
16	CH 76	0,55	0,50	0,54	0,50	0,57	0,52	0,54	0,56	0,55	0,51	0,48	0,51	0,50	0,46	0,45	0,59	0,51	0,61	0,57	0,58	0,61	0,53	0,54	0,51	0,51
17	CH 63	0,53	0,50	0,53	0,55	0,60	0,53	0,58	0,61	0,63	0,59	0,57	0,55	0,56	0,49	0,51	0,61	0,52	0,56	0,55	0,57	0,61	0,49	0,48	0,54	0,52
18	CH 91	0,61	0,49	0,52	0,57	0,59	0,52	0,57	0,56	0,64	0,53	0,51	0,61	0,57	0,55	0,50	0,55	0,58	0,59	0,57	0,56	0,64	0,50	0,54	0,58	0,60
19	CH 95-2	0,50	0,55	0,54	0,45	0,54	0,52	0,47	0,53	0,50	0,51	0,46	0,48	0,52	0,48	0,52	0,57	0,55	0,52	0,47	0,56	0,57	0,55	0,61	0,56	0,61
20	CH 90-4	0,56	0,55	0,55	0,55	0,70	0,60	0,53	0,57	0,61	0,59	0,62	0,59	0,60	0,50	0,51	0,65	0,59	0,56	0,53	0,64	0,68	0,59	0,60	0,59	0,54
21	GU 118-3	0,64	0,52	0,55	0,62	0,64	0,55	0,61	0,58	0,72	0,66	0,66	0,66	0,64	0,70	0,59	0,66	0,61	0,55	0,55	0,58	0,54	0,53	0,55	0,56	0,51
22	GU 128-1	0,69	0,57	0,62	0,69	0,71	0,50	0,54	0,51	0,69	0,65	0,73	0,71	0,62	0,63	0,54	0,62	0,61	0,52	0,50	0,58	0,59	0,51	0,52	0,55	0,53
23	GU 113	0,73	0,58	0,61	0,68	0,70	0,51	0,61	0,52	0,71	0,64	0,71	0,71	0,60	0,62	0,55	0,58	0,61	0,51	0,51	0,54	0,56	0,49	0,51	0,55	0,55
24	GU 112	0,56	0,58	0,55	0,53	0,53	0,48	0,58	0,52	0,58	0,54	0,55	0,57	0,60	0,54	0,60	0,60	0,62	0,51	0,50	0,57	0,60	0,54	0,56	0,61	0,62
25	GU 118-1	0,58	0,63	0,63	0,55	0,53	0,50	0,51	0,57	0,43	0,45	0,45	0,45	0,51	0,45	0,55	0,53	0,55	0,50	0,50	0,54	0,58	0,55	0,61	0,67	0,64
26	GU 124-3	0,81	0,55	0,61	0,64	0,61	0,52	0,57	0,56	0,62	0,51	0,58	0,58	0,49	0,60	0,55	0,54	0,51	0,61	0,66	0,65	0,59	0,53	0,59	0,58	0,56
27	TB 39-4		0,61	0,56	0,73	0,65	0,50	0,60	0,55	0,70	0,57	0,64	0,66	0,58	0,64	0,56	0,56	0,57	0,56	0,60	0,55	0,51	0,50	0,58	0,59	0,61
28	TB 37-2	0,49		0,78	0,63	0,56	0,56	0,60	0,57	0,50	0,50	0,54	0,49	0,50	0,47	0,51	0,56	0,49	0,53	0,51	0,50	0,56	0,55	0,56	0,47	0,55
29	TB 55	0,57	0,25		0,71	0,60	0,55	0,58	0,57	0,55	0,57	0,52	0,52	0,51	0,55	0,53	0,56	0,54	0,60	0,55	0,54	0,58	0,61	0,56	0,52	0,57
30	TB 56-4	0,31	0,46	0,34		0,65	0,48	0,51	0,54	0,68	0,61	0,59	0,59	0,53	0,62	0,53	0,51	0,59	0,53	0,53	0,50	0,56	0,50	0,53	0,57	0,62
31	TB 56-5	0,44	0,57	0,52	0,44		0,55	0,55	0,59	0,66	0,59	0,66	0,66	0,58	0,57	0,51	0,58	0,55	0,55	0,55	0,52	0,51	0,54	0,53	0,55	0,61
32	FL 177-1	0,70	0,57	0,60	0,74	0,60		0,73	0,77	0,60	0,69	0,59	0,52	0,56	0,50	0,58	0,61	0,55	0,63	0,63	0,62	0,55	0,59	0,55	0,50	0,52
33	FL 188-4	0,52	0,52	0,55	0,67	0,60	0,31		0,71	0,66	0,64	0,57	0,55	0,58	0,50	0,58	0,60	0,59	0,65	0,60	0,59	0,60	0,54	0,55	0,62	0,61
34	FL 185-1	0,59	0,56	0,56	0,62	0,53	0,26	0,35		0,64	0,65	0,53	0,51	0,59	0,55	0,67	0,72	0,60	0,72	0,71	0,65	0,55	0,61	0,55	0,56	0,55
35	FL 183-3	0,36	0,70	0,60	0,38	0,41	0,52	0,41	0,45		0,74	0,71	0,69	0,60	0,67	0,58	0,55	0,54	0,53	0,60	0,52	0,53	0,47	0,48	0,50	0,59
36	UN 03	0,56	0,68	0,56	0,50	0,53	0,37	0,45	0,44	0,30		0,73	0,65	0,55	0,63	0,62	0,61	0,65	0,54	0,59	0,63	0,61	0,55	0,49	0,45	0,51
37	UN 06	0,45	0,62	0,65	0,53	0,42	0,53	0,56	0,64	0,35	0,31		0,80	0,72	0,68	0,54	0,57	0,58	0,49	0,50	0,60	0,55	0,53	0,52	0,45	0,46
38	UN 6-1	0,42	0,72	0,65	0,53	0,42	0,65	0,59	0,67	0,37	0,44	0,23		0,79	0,71	0,55	0,52	0,61	0,52	0,54	0,58	0,50	0,50	0,50	0,51	0,58
39	Li 14	0,55	0,70	0,67	0,64	0,55	0,57	0,55	0,53	0,52	0,59	0,32	0,24		0,67	0,58	0,65	0,62	0,55	0,50	0,59	0,46	0,49	0,48	0,54	0,54
40	Li 68	0,45	0,75	0,59	0,48	0,56	0,68	0,68	0,60	0,40	0,46	0,38	0,34	0,40		0,71	0,59	0,61	0,52	0,55	0,55	0,50	0,48	0,50	0,56	0,56
41	Li 80	0,57	0,67	0,64	0,64	0,67	0,55	0,55	0,40	0,55	0,48	0,62	0,59	0,55	0,35		0,68	0,71	0,56	0,65	0,62	0,56	0,57	0,60	0,57	0,57
42	Li 97	0,57	0,57	0,57	0,67	0,55	0,49	0,52	0,32	0,60	0,50	0,56	0,65	0,44	0,53	0,38		0,72	0,71	0,70	0,67	0,53	0,61	0,58	0,55	0,54
43	ML 61	0,56	0,72	0,62	0,53	0,59	0,59	0,53	0,52	0,62	0,44	0,55	0,49	0,48	0,49	0,35	0,32		0,66	0,61	0,70	0,67	0,58	0,61	0,68	0,63
44	Ri 55	0,57	0,64	0,52	0,64	0,60	0,46	0,44	0,32	0,64	0,62	0,72	0,65	0,60	0,65	0,57	0,34	0,42		0,75	0,69	0,58	0,57	0,58	0,64	0,59
45	SM 108-4	0,52	0,67	0,60	0,64	0,60	0,46	0,52	0,35	0,52	0,53	0,68	0,62	0,70	0,59	0,44	0,36	0,50	0,29		0,72	0,58	0,62	0,61	0,54	0,54
46	SP 3-2	0,59	0,68	0,62	0,68	0,65	0,48	0,53	0,44	0,65	0,46	0,52	0,55	0,53	0,60	0,48	0,40	0,36	0,37	0,32		0,76	0,70	0,67	0,60	0,56
47	SP 44	0,67	0,57	0,55	0,57	0,67	0,60	0,52	0,59	0,64	0,50	0,59	0,68	0,77	0,68	0,57	0,64	0,40	0,55	0,55	0,28		0,74	0,71	0,61	0,55
48	SN 121	0,68	0,59	0,50	0,68	0,62	0,53	0,62	0,49	0,75	0,60	0,64	0,70	0,72	0,74	0,56	0,50	0,55	0,56	0,48	0,36	0,30		0,77	0,53	0,55
49	SN 129-1	0,55	0,57	0,57	0,64	0,64	0,60	0,60	0,59	0,74	0,72	0,65	0,68	0,74	0,68	0,52	0,55	0,50	0,55	0,49	0,40	0,34	0,26		0,61	0,55
50	YA 159	0,53	0,75	0,65	0,56	0,59	0,68	0,48	0,57	0,68	0,81	0,81	0,67	0,62	0,57	0,56	0,59	0,38	0,45	0,62	0,52	0,50	0,64	0,50		0,82
51	YA 165-3	0,50	0,59	0,56	0,48	0,50	0,65	0,50	0,60	0,53	0,67	0,77	0,55	0,62	0,57	0,56	0,62	0,46	0,53	0,62	0,57	0,59	0,60	0,59	0,20	

Anexo 11. Análisis de regresión de la relación entre el número efectivo de alelos por locus (Ae) y la heterocigosidad (he).

Regresión Simple: Ae vs he
Variable dependiente = Ae
Variable independiente = he
Lineal: Y = a + b*X

Coeficientes

Parámetro	Mínimos Cuadrados Estimado	Estándar Error	Estadístico T	Valor-P
Intercepto	0,754116	0,01509	49,9722	0,0000
Pendiente	2,37437	0,03872	61,3295	0,0000

Análisis de Varianza

Fuente	Suma de Cuadrados	Gl	Cuadrado Medio	Razón-F	Valor-P
Modelo	7,87173	1	7,8717	3761,31	0,0000
Residuo	0,244859	117	0,0021		
Total (Corr.)	8,116589	118			

Coeficiente de Correlación =	0,9848	
R-cuadrada =	96,9832	%
R-cuadrado (ajustado para g.l.) =	96,9574	%
Error estándar del est. =	0,04575	
Error absoluto medio =	0,03618	

La salida muestra los resultados de ajustar un modelo lineal para describir la relación entre Ae y he. La ecuación del modelo ajustado es

$$Ae = 0{,}754116 + 2{,}37437*he$$

Puesto que el valor-P en la tabla ANOVA es menor que 0,05, existe una relación estadísticamente significativa entre Ae y he con un nivel de confianza del 95,0%.

El estadístico R-Cuadrada indica que el modelo ajustado explica 96,9832% de la variabilidad en Ae. El coeficiente de correlación es igual a 0,984801, indicando una relación relativamente fuerte entre las variables. El error estándar del estimado indica que la desviación estándar de los residuos es 0,0457473.