

Conservación *ex situ* de Tubérculos Andinos y Análisis de la Información de la Diversidad Genética de la Oca (*Oxalis tuberosa* Mol.)

Ugarte M.¹ y Baudoin J.²

Summary

The aim of this work concerns the study of the genetic variability of the oca (*Oxalis tuberosa* Mol.) available within the Bolivian National Bank of Andean Tubers Germplasm, conserved *ex situ* in the Center of the Services and Toralapa Production, department of Cochabamba. The morphological characterization of the germplasm collection provided a data which was used for our study.

For the analysis of these data, we used the statistical methods of analysis by regrouping (distance of similarity calculated according to the "Average Euclidean Distance") and of numerical classification (distance of similarity calculated according to the number of common characters). According to the analysis by regrouping 51 groups, corresponding to 181 morphotypes, were identified. The method of classification numerical generated 10 groups, corresponding to 145 morphotypes. The latter gives a better structure of the collection of the oca.

The analysis of the geographical data indicates that the area of high diversity of oca is around Titicaca lake.

Key words: Andean tuber, *Oxalis tuberosa* Mol., gene bank, bank of data, *ex situ* conservation, descriptor, morphotype.

Resumen

El trabajo ha permitido estudiar la variabilidad genética de conservación de la diversidad agrícola de la oca (*Oxalis tuberosa* Mol.) existente en el Banco Nacional de Germoplasma de Tubérculos y Raíces Andinas, conservado *ex situ* en el Centro de Servicios y Producción Toralapa, Cochabamba Bolivia. La caracterización morfológica del Banco ha brindado una base de datos estudiada en el presente trabajo.

Para el análisis de estos datos, se utilizaron métodos estadísticos de análisis de agrupamientos (distancia de similitud o semejanza calculada según la "Distancia Euclidiana promedio") y de Clasificación numérica (distancia de semejanza calculada de acuerdo al número de caracteres comunes).

De acuerdo al análisis por agrupamientos, 51 grupos, correspondientes a 181 morfotipos fueron identificados. El método de clasificación numérica ha permitido a su vez, definir 10 grupos correspondientes a 145 morfotipos. Este último permite de esta manera dar una mejor estructura a la colección de oca.

El análisis de datos geográficos corrobora que la región de alta diversidad de la oca se sitúa en torno al lago Titicaca.

Palabras clave: tubérculos andinos, *Oxalis tuberosa* Mol., Banco genético, banco de datos, conservación *ex situ*, descriptores, morfotipos.

Introducción

Bolivia, al ser parte del centro andino de origen y domesticación de plantas, es poseedora de una gran diversidad de especies cultivadas y silvestres, que por ser fuente de alimentación y de ingresos económicos, tiene una gran importancia para la agricultura.

Los tubérculos andinos son parte de esta riqueza genética, entre éstos, la oca (*Oxalis tuberosa* Mol.), la papalisa (*Ullucus tuberosus* Loz.) y el isaño (*Tropaeolum tuberosum* R. & P), constituyen rubros importantes dentro de los sistemas de producción tradicionales de los agricultores asentados entre los 3000 a 3800 msnm (Gibbs, *et al.*, 1984; Hernández, 1994; Lescano, 1994; Tapia, 1997).

En el Banco Nacional Boliviano de Germoplasma de Tubérculos y Raíces Andinas, se conserva una gran variabilidad de estos cultivos. La colección de oca (*Oxalis tuberosa*) cuenta con más de 500 accesiones provenientes de la zona andina de los departamentos de La Paz, Cochabamba, Potosí, Oruro, Chuquisaca y Tarija, de dónde se recolectaron (PBRTAS, 1996; PROINPA, 2000).

A fin de intensificar la investigación de los recursos genéticos de oca (*Oxalis tuberosa* Mol.), en el Banco Nacional Boliviano de Germoplasma de Tubérculos y Raíces Andinas se estudio la variabilidad genética disponible dentro de la base de datos de la colección de oca. Por lo cual ciertos métodos estadísticos fueron analizados con el propósito de identificar un procedimiento que permita analizar la información disponible lo más completamente posible.

Para realizar este trabajo se utilizaron datos de la información de la caracterización morfológica y los datos pasaporte de la colección boliviana de *Oxalis tuberosa* Mol.

Objetivos

- Analizar la variabilidad de oca de la colección boliviana.
- Poner en evidencia los morfotipos y grupos que facilitaran la gestión de la colección.
- Analizar la información de los datos geográficos para la identificación y la distribución de zonas de alta diversidad.

Materiales y métodos

Material vegetal

El material utilizado, base de este estudio esta formado de 485 variedades de oca cultivada proveniente del Banco Nacional Boliviano de Germoplasma de Tubérculos y Raíces Andinas conservados por la Fundación PROINPA en el Centro de Servicio y Producción Toralapa.

La caracterización se efectuó en el Centro Toralapa situado en la localidad de Toralapa de la provincia Tiraque del departamento de Cochabamba, ubicado a una latitud de 17°31'00" S, una longitud de 65°40'00" O y una altitud de 3450 msnm.

Caracterización morfológica

Score la base de trabajos realizados por PROINPA (2000), se ha utilizado la información de los resultados de 25 caracteres morfológicos (5 caracteres vegetativos de la planta, 6 caracteres de la flor, 7 caracteres de tubérculos y 7 caracteres de evaluación agronómica). Estos 25 caracteres se encuentran dentro los descriptores de la oca (Arbizu, 2001) publicados por el Instituto Internacional de Recursos Fitogenéticos (IPGRI).

Para cada una de las accesiones se observó los 25 caracteres en diez plantas durante dos años (2001 y 2002), estas evaluaciones permitieron identificar 120 morfotipos en los anteriores años (PROINPA 2000, PBRTAS 2001). Para la identificación de los datos de color se ha utilizado la tabla de color de la "Société Royale Horticole" (Royal Horticultural Society, 1995).

Métodos utilizados para la evaluación de la variabilidad genética

Después de analizar el potencial de cada método estadístico y de acuerdo a los datos cualitativos de la información se seleccionó el método multivariado de reagrupamiento "cluster" y la clasificación numérica para estimar la diversidad presente en base a los datos de carácter morfológico.

Análisis de agrupamiento: distancia de similitud calculada según la "Euclidian Distance Means"

Para el análisis se utilizó el programa NTSYS "Numerical Taxonomy System", versión 2.1 (Dean, 2000), según el procedimiento siguiente: una matriz de similitud ha sido establecida según el coeficiente de similitud "Euclidian Distance Means". Los grupos que poseen características morfológicas similares han sido agrupadas y representadas en un fenograma según el modelo de SAHN (Dean, 2000).

Método de clasificación numérica: distancia de similitud calculada según el número de caracteres comunes

Para la introducción del procedimiento se procedió a realizar el análisis descriptivo de cada una de las variables. Después se estudió el poder discriminativo de cada una de las variables (caracteres morfológicos). La heterogeneidad de estas variables condujeron a justificar la codificación de los descriptores.

Esta modificación de la codificación es necesaria porque la metodología trata de manera equivalente todos los descriptores, durante el cálculo de la distancia.

Para realizar el análisis se empleó el programa SAS, versión 8.2, en la matriz de distancia si el valor del coeficiente es 0, corresponde a individuos similares. El valor de 0.25 entre 2 individuos, indicó que dos individuos presentan 75% de sus caracteres en común.

Estimación visual de la similitud sobre la base de la morfología

La estimación de la diversidad ha sido efectuada según la metodología desarrollada por PBRTAS, 2000; PROINPA, 2000; PBRTAS, 2001; Tallado, 2001 y Ugarte, 2001 donde se obtuvo de un total de 485 accesiones, 120 morfotipos que representan el 25% de la variabilidad genética.

Análisis de datos pasaporte

Se utilizó para el análisis el programa DIVA - GIS . Los datos fueron introducidos a un archivo tipo "shapefiles". Este procedimiento tiene por objetivo poner los datos en un lenguaje que permita ser utilizado en un mapa. En la representación geográfica de las zonas de alto nivel de diversidad de oca se usaron los datos pasaporte y los datos de morfotipos identificados durante el trabajo.

Resultados y discusión

Análisis de reagrupamiento: distancia de similitud calculada según la "Euclidian Distance Means"

Según el análisis por reagrupamiento "cluster" definido por el procedimiento «Numerical Taxonomy System» del programa NTSYS versión 2.1(Dean, 2000), diferentes coeficientes de distancia han sido escogidos para realizar el análisis de los resultados. Para este trabajo se identificó el coeficiente de distancia igual a 0.47 que permite definir 51 grupos. Los resultados obtenidos son representados en un fenograma de 485 accesiones evaluadas sobre la base de 25 caracteres cualitativos.

La información de cada una de las accesiones que pertenecen a cada grupo de los 51 grupos formados para los 25 caracteres estudiados fue observada con el objetivo de confirmar la pertenencia al grupo.

Esta observación ha estado basada sobre 11 caracteres morfológicos altamente discriminantes, que permiten identificar un morfotipo de oca. Estos caracteres fueron determinados por los trabajos realizados por la Fundación PROINPA (2000).

Estos 11 caracteres discriminantes son:

- Color de tallos
- Pigmentación de axilas de tallos
- Heterostilia de flor
- Color de pedúnculo y pedicelo
- Color predominante de piel del tubérculo
- Color secundario de piel del tubérculo
- Distribución del color secundario de piel del tubérculo
- Color predominante de pulpa del tubérculo
- Color secundario de pulpa del tubérculo
- Distribución del color secundario de pulpa del tubérculo
- Forma general del tubérculo

Después de haber observado los 11 caracteres morfológicos en la información de cada una de las accesiones de los 51 grupos, se han encontrado 131 morfotipos con caracteres morfológicos semejantes (los resultados del fenograma se lo representa en el Cuadro 1).

Cuadro 1. Resultados del fenograma de 485 accesiones evaluadas.

Grupo	Morfotipo	Accesión o entrada	Grupo	Morfotipo	Accesión o entrada	
1	1	3870	10	59	3874	
	2	3889; 4441; 3901; 4485; 4054; 4453; 4541; 3905; 4493; 4455; 3931; 3937; 3938; 4467		60	4039	
		3		4137; 4551	61	3981
	4	3893; 4470; 4010		63	4129; 4301; 4132	
	5	3932			3883; 4354; 4062; 4076; 3891; 4406; 3896; 3930; 3888; 4017; 4077; 4524; 4136; 3897; 4088; 4482 4532; 4564; 4505	
	6	4258; 4438			64	3933; 4500; 4083; 4067; 4294
	7	4104	65		3934; 4159	
2	8	3982; 3995; 4140; 4196; 4061; 4151	66	4499		
	9	4260; 4559; 4353	67	4019		
	10	4014; 4090; 4241; 4460; 4052	68	4517		
	11	4050; 4152	69	3882; 3898; 4526; 4240		
	12	4141	70	3903		
	13	4080	71	3989		
	14	4081	72	4149		
3	15	4114	12	73	3894	
	16	4182		74	4056; 4082	
	17	3872; 4058; 4037; 4259; 4481; 4437; 4041		75	4565	
	18	4518		76	4073; 4557; 4502	
	19	4027; 4098; 4270; 4046		77	4317	
	20	4095		79	4069	
	21	4064; 4466		80	4427; 4428	
4	22	3895; 3972; 4053; 4002; 4026; 4105; 4544	15	81	4370	
	23	4492		82	4038; 4469	
	24	3980; 3987; 4093; 4558; 4135; 4146; 4371		83	4433	
	25	4244		84	4167; 4400; 4415	
	26	4268		85	4344	
	27	3998; 4326		86	4430	
	28	4540		87	4546	
5	29	4319; 4359	16	88	4436	
	30	3886		89	3914; 4262; 4356; 4251; 4315; 4347; 4363; 4372	
	31	4155		90	4239; 4350; 3936; 4366; 4022	
	32	4157			91	4172
	33	4336; 4560; 4361		92	4200	
	34	4563		93	4163; 4170; 4355; 4177	
	6	35		3940; 4310; 4351; 4423; 4424; 4421; 4142; 4343; 4422; 4327; 4369	19	94
36		4060	95	4087		
37		4144	96	4463		
38		4289	97	4176; 4178; 4193		
39		4475; 4506	98	4503		
40		3875	99	4028		
41		4253	100	4109		
7	42	3911; 4015; 4089; 4116; 4175; 4296; 4348	20	101	4112	
	43	4360		102	4156	
	44	4139; 4160; 4147; 4174		103	4262	
	45	4374		104	3979	
	6	46		3876; 4148; 4246; 4365	105	4042
					106	4115
	7				107	4107

Grupo	Morfotipo	Accesión o entrada
10	59	3874
	60	4039
	61	3981
11	62	4129; 4301; 4132
	63	3883; 4354; 4062; 4076;
		3891; 4406; 3896; 3930;
		3888; 4017; 4077; 4524;
		4136; 3897; 4088; 4482
	4532; 4564; 4505	
	64	3833; 4500; 4083; 4067;
	65	4284
	66	3934; 4159
	67	4499
68	4019	
68	4517	
69	3882; 3898; 4526; 4240	
70	3903	
12	71	3989
	72	4149
	73	3894
	74	4056; 4082
	75	4565
	76	4073; 4557; 4502
	77	4317
13	4069	
14	79	4304
	80	4427; 4428
15	81	4370
	82	4038; 4469
16	83	4433
	84	4167; 4400; 4415
17	85	4344
	86	4430
18	87	4546
	88	4436
19	89	3914; 4252; 4356; 4251;
		4315; 4347; 4363; 4372
	90	4239; 4350; 3936; 4366;
20	91	4172
	92	4200
	93	4163; 4170; 4355; 4177
21	94	3983; 4375; 4113
	95	4087
22	96	4463
	97	4176; 4178; 4193
23	98	4503
	99	4028
24	100	4109
	101	4112
25	102	4156
	103	4262
26	104	3979
	105	4042
27	106	4115
	107	4107

Grupo	Morfotipo	Accesión o entrada
38	150	4013
	151	4055
	152	3997
39	153	4446; 4549
	154	4275
	155	4368
40	156	4079; 4285; 4102; 4442;
		4162; 4501
41	157	4164
	158	4185; 4340; 1466
42	159	4190; 4543
	160	4173
43	161	4048
	162	4498
44	163	3873; 3977; 3983; 4011;
		4296; 4044; 4291
	164	3892; 3923; 3926; 4271;
45	165	4568
		3924; 4352; 4397; 4426;
		3942; 4429
46	166	3887; 4035; 3918; 4308;
		4408; 4538; 4074; 4414;
		4047; 4103; 4249; 4314;
47	167	3920
		4007; 4399; 4272; 4405;
		4458; 441; 4168
48	168	3902; 4282; 4431
	169	4208
	170	3881; 3821; 4457; 3884;
49	171	3919; 4398
		3900; 3922; 3917; 4248;
		4478
50	172	3909; 4033; 4279
	173	3941
	174	4183; 4189
51	175	4307; 4412; 4396; 4409
	176	3916
	177	3890; 4097; 3910; 4306;
52		4402; 4287; 4407; 4477;
		3899; 4401; 4577; 4403;
		4445; 4522; 4488
53	178	3925; 4507
	179	4450
	180	4323; 4404
54	181	4130; 4134

Método de clasificación numérica: distancia de similitud calculada según el número de caracteres comunes

Ajuste de la codificación a la técnica utilizada

Debido a que la metodología considera cada modalidad de carácter de manera idéntica, se ha ajustado ciertos estados de algunos caracteres morfológico de los descriptores. Los caracteres con varios estados como: color de tallos, color del peciolo, color predominante de piel, color secundario de piel y distribución del color secundario de piel fueron subdivididos en dos, tres y cinco estados binarios para asegurar una ponderación idéntica en el análisis. Se ha modificado de 25 caracteres morfológicos utilizados la codificación de 15 caracteres morfológicos, ocho caracteres no han sido modificados y dos caracteres no son tomados en cuenta debido a que no hay diferencias en cuanto al estado evaluado, lo que totaliza 21 descriptores. Cuando hay más formas para juzgar un descriptor, más serán tomados en cuenta de manera diferentes por lo que habrá resultados divergentes (Arbizu, 2001).

Distancia de similitud calculada según el número de caracteres comunes

El resultado de estas modificaciones es una nueva matriz de datos estandarizados donde las dimensiones son $n \times p$ donde $n = 485$ accesiones y $p = 21$ variables.

Este análisis ha permitido definir 10 grupos "cluster", correspondientes a un coeficiente de distancia de 0.47. Existe un promedio de 52% de caracteres comunes compartidos entre los individuos de un solo grupo. Según este método, la diversidad genética puede encontrarse en 10 grupos.

El objetivo fue agrupar individuos con caracteres comunes afin de identificar el morfotipo, por lo que se analizó la información de cada una de las accesiones de cada grupo en base a 11 caracteres morfológicos que definen el morfotipo. A partir de esa observación de los 10 grupos se identificó que existen 145 morfotipos con caracteres morfológicos parecidos.

Análisis de los datos geográficos

Los datos pasaporte de 485 accesiones de la colección de oca y los datos de los 145 morfotipos encontrados con la metodología de distancia de similitud calculada según el número de caracteres comunes, fueron analizados a nivel geográfico con el programa DIVA.

El mapa de Bolivia muestra la distribución de la variabilidad de morfotipos expresada por cuadrículas de diferentes colores distribuidas en los departamentos de La Paz, Cochabamba, Chuquisaca, Potosí, Tarija y Oruro.

Se puede observar que existe una gran distribución de variabilidad morfológica de oca en los departamentos de La Paz y Cochabamba como ilustra la Figura 1.

Autores como Sperling 1990, Hernández 1994 y Tapia 1997 indican que el centro de origen de la diversidad genética de oca se sitúa alrededor del lago "Titicaca". El análisis de datos geográficos realizado en este trabajo con firman lo indicado por dichos autores.

Conclusiones y perspectivas

A partir del análisis efectuado sobre los descriptores, se concluyó que ciertos descriptores de la oca no son claros para la identificación de morfotipos. Debido a que, al detallar con mayor precisión nos lleva a confundir los morfotipos. Un mayor conocimiento sobre la heredabilidad y su expresión del carácter con el medio ambiente es necesario. El análisis de agrupamiento sobre la base de 25 caracteres morfológicos permitió poner en evidencia 51 grupos correspondientes a 181 morfotipos con un coeficiente de distancia de 0.47.

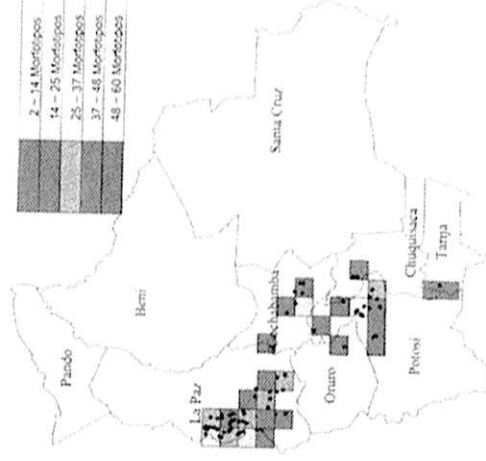


Figura 1. Distribución geográfica de variabilidad genética de oca en Bolivia.

El método de clasificación numérica sobre la base de 21 caracteres morfológicos permitió poner en evidencia 10 grupos correspondientes a 145 morfotipos con un coeficiente de distancia de 0,47.

El número de morfotipos identificado por cada metodología: 181 y 145 deberá ser verificado por análisis molecular. Con la identificación de los morfotipos se puede contribuir al establecimiento de una colección núcleo "core collection" (Van Hintum *et al.*, 2000) que permitirá dinamizar la colección y facilitará los trabajos de evaluación.

La colección núcleo permitirá también la búsqueda de atributos interesantes para la agroindustria y las buenas características de rusticidad y productividad.

El análisis de los datos geográficos mostró claramente que las regiones de La Paz y Cochabamba son zonas de alta diversidad de oca. Estos resultados están de acuerdo con la hipótesis de que el centro de origen de la oca se sitúa alrededor del lago Titicaca.

Bibliografía

- ARBIZU, C., BARRERA, J., UGARTE, M.L., IRIARTE, V., MEDINA, T., MESA, G., VIVANCO, F., MAZÓN, N. 2001. Descriptores de Oca *Oxalis tuberosa* Mol. Instituto Internacional de Recursos Fitogenéticos, Lima, Perú.
- DEAN, A., JUNHYONG, K., RICHERD, J. 2000. Programming and other assistance with NTSYS pc. USA.
- GIBBS, P., MARSHALL, D., BRUNTON, D. 1984. Studies on the cytology of *Oxalis tuberosa* an *Tropaeolum tuberosum*. Notes from the Royal Botany Garden, Edinburgh **37**(1): 215-220.
- HERNÁNDEZ, J. E., LEON, J. 1994. Neglected crops 1492 from a different perspective. Rome, Italy. Food and Agriculture Organization of the United Nations.
- LESCANO, J. L. 1994. Genética y mejoramiento de cultivos altoandinos. Puno, Perú.
- PBRTAS 1996. Memorias del Programa Colaborativo Biodiversidad de Raíces y Tubérculos Andinos 1994-1995. La Molina, Perú.
- PBRTAS 2000. Informe anual 1999 Programa Colaborativo Biodiversidad de Raíces y Tubérculos Andinos. La Molina, Perú.
- PBRTAS 2001. Informe anual 2000 Programa Colaborativo Biodiversidad de Raíces y Tubérculos Andinos. La Molina, Perú.
- PROINPA 2000. Informe final Fundación PROINPA. Cochabamba, Bolivia. Fundación PROINPA.
- ROJAS, E., HIYMANS, J., GUARINO, L. 2002. Geographic information system for the analyses of biodiversity: DIVA - GIS, version 2.5. Lima, Peru. 1995. Colour Chart (edn. 1,2,3). Londres, The Royal Horticultural Society.
- SPERLING, C. R., KING, S.R. 1990. Andean tuber crops: Worldwide potential. Advances in new crops. J. Janick, Simon, J.E. Portland, OR., Timber Press: 428-435.
- TALLEDO, D., ARBIZU, C., ESTRELLA, J., FRANCO, T., GUARINO, L., LIZARRAGA, L., MEDINA, T., MUNOZ, L., PANTA, A., SEMINARIO, J., SOTO, V., TAPIA, C., UGARTE, M.L., VERASTEGUI, M. 2001. Conservación y uso de la diversidad de raíces y tubérculos andinos. D. Talleco, Holle, M.
- TAPIA, M. 1997. Cultivos andinos subexplotados y su aporte a la alimentación. Santiago, Chile, Organización de las Naciones Unidas Para la Agricultura y la Alimentación.
- UGARTE, M.L. 2001. Conservación de la Riqueza Genética de Cultivos Nativos. Primer Informe Compendio, Fundación PROINPA. Campañas 1998 -1999, 1999 - 2000, 2000 -2001. PROINPA, Cochabamba, Bolivia. pp.13 - 23.
- VAN HINTUM, TH.J.L., A.H.D. BROWN, C. SPILLANE and T. HODGKIN. 2000. Core collections of plant genetic resources. IPGR Technical Bulletin No. 3, International Plant Genetic Resources Institute, Rome, Italy.