

UNIVERSIDAD NACIONAL DE SAN ANTONIO ABAD DEL CUSCO

FACULTAD DE CIENCIAS

ESCUELA PROFESIONAL DE BIOLOGÍA



TESIS

CARACTERIZACIÓN FENOTÍPICA Y GENOTÍPICA
DE POBLACIONES DE *Phytophthora infestans* (Mont.) de Bary,
AISLADAS DE CULTIVOS DE PAPA (*Solanum tuberosum* L.)
EN NUEVE DEPARTAMENTOS DEL PERÚ

PRESENTADA POR:

Bach. Almendra Astete Farfan

**Para optar al título profesional de
Biólogo**

ASESOR:

M. Sc. Jorge Acurio Saavedra

FINANCIADO POR:

Proyecto Nacional de Innovación Agraria
PNIA-IE-10469-2015

CUSCO – PERÚ

2021

INFORME DE ORIGINALIDAD

(Aprobado por Resolución Nro.CU-303-2020-UNSAAC)

El que suscribe, **Asesor** del trabajo de investigación/tesis titulada: **CARACTERIZACIÓN FENOTÍPICA Y GENOTÍPICA DE POBLACIONES DE *Phytophthora infestans* (Mont.) de Bary, AISLADAS DE CULTIVOS DE PAPA (*Solanum tuberosum* L.) EN NUEVE DEPARTAMENTOS DEL PERÚ**

presentado por: **ALMENDRA ASTETE FARFAN** con DNI Nro.: **73985156**

presentado por: con DNI Nro.:

para optar el título profesional/grado académico de **BIÓLOGO**

Informo que el trabajo de investigación ha sido sometido a revisión por **02** veces, mediante el Software Antiplagio, conforme al Art. 6° del **Reglamento para Uso de Sistema Antiplagio de la UNSAAC** y de la evaluación de originalidad se tiene un porcentaje de **9**%.

Evaluación y acciones del reporte de coincidencia para trabajos de investigación conducentes a grado académico o título profesional, tesis

Porcentaje	Evaluación y Acciones	Marque con una (X)
Del 1 al 10%	No se considera plagio.	<input checked="" type="checkbox"/>
Del 11 al 30 %	Devolver al usuario para las correcciones.	<input type="checkbox"/>
Mayor a 31%	El responsable de la revisión del documento emite un informe al inmediato jerárquico, quien a su vez eleva el informe a la autoridad académica para que tome las acciones correspondientes. Sin perjuicio de las sanciones administrativas que correspondan de acuerdo a Ley.	<input type="checkbox"/>

Por tanto, en mi condición de asesor, firmo el presente informe en señal de conformidad y **adjunto** la primera página del reporte del Sistema Antiplagio.

cusco, **29** de **Diciembre** de 20**23**



Firma

Post firma **Jones Acuña Soavero**

Nro. de DNI **23983840**

ORCID del Asesor **0000-0001-9184-1662**

Se adjunta:

1. Reporte generado por el Sistema Antiplagio.
2. Enlace del Reporte Generado por el Sistema Antiplagio: **oid 27259.92161282**

NOMBRE DEL TRABAJO

Tesis Almendra Astete Farfan.pdf

AUTOR

Almendra Astete Farfan

RECUENTO DE PALÁBRAS

96332 Words

RECUENTO DE CARACTERES

473894 Characters

RECUENTO DE PÁGINAS

178 Pages

TAMAÑO DEL ARCHIVO

7.4MB

FECHA DE ENTREGA

May 25, 2021 6:54 AM GMT-5

FECHA DEL INFORME

May 25, 2021 7:15 AM GMT-5**● 9% de similitud general**

El total combinado de todas las coincidencias, incluidas las fuentes superpuestas, para cada base de datos:

- 8% Base de datos de Internet
- Base de datos de Crossref
- 5% Base de datos de trabajos entregados
- 4% Base de datos de publicaciones
- Base de datos de contenido publicado de Crossref

Dedicado a la memoria del Dr. Alfonso Aréstequi
Pezúa, cuyas enseñanzas contribuyeron
invaluablemente en mi formación personal y
profesional.

AGRADECIMIENTOS

La realización de esta tesis de investigación fue posible gracias al Proyecto Nacional de Innovación Agraria PNIA-10469-2015 y al equipo investigador del laboratorio de Patología Molecular del Centro Internacional de la Papa (CIP).

A los líderes investigadores y mentores: Dra. Hannele Lindqvist – Kreuze, M.Sc. Ing. Willmer Germán Pérez Barrera, y Blga. Soledad Gamboa Estela; por confiar en mi persona y brindarme esta oportunidad de crecimiento profesional, por compartir su experiencia y conocimientos conmigo al asesorarme en el desarrollo del presente trabajo, y principalmente por inculcarme la pasión por la Fitopatología.

Al equipo técnico: Freddy Ventura Sacsara, Elvin De La Torre Sánchez y M. Sc. Blga. Myriam Izarra Becerra; por su paciencia al capacitarme, su ayuda incondicional y su sabia orientación en cada momento. A Mirian Yanina Correa Melendrez por su compañerismo a lo largo de todo este proceso.

A la Ing. Liliam Gutarra Vilchez y la Lic. Julia Zamudio por el apoyo, calidez, cariño y aliento que me brindaron día a día.

Al Dr. David Cooke del Instituto James Hutton en Dundee - Escocia, por sus oportunos consejos y orientación para el éxito del proceso de genotipado con los marcadores microsatélites.

A mi amigo y colega, Ronald Robles Martinez, por su valiosa ayuda y asesoría en los análisis bioinformáticos tan necesarios para una satisfactoria culminación.

A mis docentes en la Escuela Profesional de Biología por su entrega, sus valiosas enseñanzas, y sus sabios consejos. Especialmente al Blgo. M.Sc. Américo Chacón Campana quien me inculcó la pasión por la Biología Vegetal, a la Mgt. Julia Griselda Muñoz Durán por despertar en mí el interés por la Genética y Biología Molecular, y a mi asesor M.Sc. Jorge Acurio Saavedra por la confianza depositada en mi persona.

A Rocío Alagón y Michael Manotupa, por estar a mi lado alentándome para culminar con éxito esta etapa. Así también a todos aquellos amigos que siempre estuvieron presentes con un gesto o palabra de ánimo.

A mis padres, Florentina y Lucio, por ser mi mayor soporte y motivación en la vida, por darme la oportunidad de seguir una carrera universitaria, y por haberme apoyado en cada decisión para seguir formándome como persona y profesional. A mi hermano Gianfranco por su amor, su dedicación y su constante preocupación para conmigo desde que tengo memoria.

ÍNDICE GENERAL

RESUMEN.....	I
INTRODUCCIÓN.....	II
PLANTEAMIENTO DEL PROBLEMA.....	III
JUSTIFICACIÓN.....	V
OBJETIVOS.....	VI

CAPÍTULO I: MARCO TEÓRICO

1.1. MARCO REFERENCIAL.....	1
1.1.1. Antecedentes Internacionales.....	1
1.1.2. Antecedentes Nacionales y Locales.....	5
1.2. MARCO CONCEPTUAL.....	6
1.2.1. La Papa Cultivada	6
1.2.1.1. Origen y Evolución.....	6
1.2.1.2. Taxonomía.....	7
1.2.1.3. Morfología.....	11
1.2.1.4. Cultivo.....	12
1.2.1.5. El Tizón Tardío de la Papa.....	13
1.2.1.5.1. Sintomatología.....	15
1.2.1.5.2. Epidemiología.....	16
1.2.2. <i>Phytophthora infestans</i> (Mont.) de Bary	16
1.2.2.1. Taxonomía.....	16
1.2.2.2. Morfología.....	19
1.2.2.3. Ciclo de Vida.....	21
1.2.2.3.1. Ciclo Sexual.....	21
1.2.2.3.2. Ciclo Asexual.....	22
1.2.2.4. Genoma.....	23
1.2.2.4.1. Genoma Nuclear.....	23
1.2.2.4.2. Genoma Mitocondrial.....	24
1.2.2.5. Origen y Evolución.....	25
1.2.3. Biología Poblacional de Patógenos	27
1.2.3.1. Genética Poblacional.....	27
1.2.3.2. Fuerzas Evolutivas.....	29
1.2.3.2.1. Mutación.....	30
1.2.3.2.2. Migración.....	32
1.2.3.2.3. Flujo Genético.....	33
1.2.3.2.4. Deriva Genética.....	33
1.2.3.2.5. Reproducción y Tipo de Apareamiento.....	34
1.2.3.2.6. Recombinación.....	35
1.2.3.2.6.1. Recombinación Sexual.....	35

1.2.3.2.6.2. Recombinación Mitótica.....	36
1.2.3.2.6.3. Recombinación Parasexual.....	36
1.2.3.2.6.4. Hibridación Interespecífica.....	37
1.2.3.2.7. Selección.....	37
1.2.3.2.8. Poliploidización.....	39
1.2.4. Marcadores para la Caracterización Genotípica y Fenotípica.....	40
1.2.4.1. Marcadores Fenotípicos.....	41
1.2.4.1.1. Tipo de Apareamiento.....	41
1.2.4.1.2. Resistencia a Fungicidas.....	42
1.2.4.1.3. Virulencia.....	44
1.2.4.2. Marcadores Genotípicos.....	48
1.2.4.2.1. Isoenzimas.....	48
1.2.4.2.2. Haplotipos Mitocondriales.....	49
1.2.4.2.3. RFLP (Restriction Fragment Length Polymorphism).....	51
1.2.4.2.4. AFLP (Amplified Fragment Length Polymorphism).....	52
1.2.4.2.5. SSR (Simple Sequence Repeats).....	52
1.2.4.2.6. SNP (Single Nucleotide Polymorphism).....	54

CAPÍTULO II: MATERIALES Y MÉTODOS

2.1. ÁREA GEOGRÁFICA DE ESTUDIO.....	55
2.2. MATERIALES.....	56
2.2.1. Material Biológico.....	56
2.2.2. Material de Laboratorio.....	56
2.2.3. Material de Invernadero, Campo y/o Gabinete.....	58
2.3. MÉTODOS.....	59
2.3.1. Lugar de Ejecución.....	59
2.3.2. Muestreo y Colecta de Material Vegetal Infectado.....	59
2.3.3. Aislamiento y Propagación de Micelio.....	62
2.3.4. Conservación y Almacenamiento de Esporangios	62
2.3.5. Colecta de ADN en Tarjetas FTA.....	63
2.3.6. Obtención de ADN.....	63
2.3.6.1. Extracción de ADN a partir de Micelio.....	63
2.3.6.2. Elución de ADN a partir de Tarjetas FTA.....	64
2.3.7. Caracterización Fenotípica.....	65
2.3.7.1. Determinación del Tipo de Apareamiento.....	65
2.3.7.2. Determinación de la Respuesta a Metalaxyl.....	65
2.3.7.3. Determinación de la Raza Fisiológica.....	66
2.3.8. Caracterización Genotípica.....	67
2.3.8.1. Identificación del Haplotipo Mitocondrial.....	67
2.3.8.2. Identificación del Genotipo SSR.....	68
2.4. ANÁLISIS DE DATOS.....	71
2.4.1. Diversidad de Razas Fisiológicas.....	71
2.4.1.1. Índice de Diversidad Genética de Nei.....	71

2.4.1.2.	Índice de Shannon.....	71
2.4.1.3.	Índice de Gleason.....	72
2.4.1.4.	Complejidad de la Virulencia.....	72
2.4.2.	Diversidad Genética.....	73
2.4.2.1.	Determinación del Contenido de Información Polimórfica (PIC).....	73
2.4.2.2.	Determinación de la Diversidad Genotípica mediante el Índice de Nei.....	73
2.4.2.3.	Análisis de Estructura Genética.....	74
2.4.2.3.1.	Estructura Genética Espacial.....	74
2.4.2.3.2.	Análisis de Agrupamiento.....	74

CAPÍTULO III: RESULTADOS Y DISCUSIÓN

3.1.	RESULTADOS.....	76
3.1.1.	Muestreo y Colecta de Material Vegetal Infectado.....	76
3.1.2.	Obtención de Material Biológico.....	76
3.1.3.	Caracterización Fenotípica.....	77
3.1.3.1.	Determinación del Tipo de Apareamiento.....	77
3.1.3.2.	Determinación de la Respuesta a Metalaxyl.....	77
3.1.3.3.	Determinación de la Raza Fisiológica.....	80
3.1.3.3.1.	Diversidad Patotípica.....	85
3.1.3.3.2.	Complejidad de la Virulencia.....	86
3.1.4.	Caracterización Genotípica.....	86
3.1.4.1.	Identificación de Haplotipos Mitocondriales.....	86
3.1.4.2.	Identificación de Genotipos SSR.....	88
3.1.4.2.1.	Análisis de Estructura Genética.....	95
3.1.4.2.1.1.	Estructura Genética Espacial.....	95
3.1.4.2.1.2.	Análisis de Agrupamiento.....	95
3.1.4.2.2.	Análisis de Diversidad Genética.....	99
3.1.4.2.2.1.	Diversidad Génica.....	99
3.1.4.2.2.1.1.	Contenido de Información Polimórfica (PIC).....	99
3.1.4.2.2.1.2.	Alelos de los Linajes Clonales.....	100
3.1.4.2.2.2.	Diversidad Genotípica.....	102
3.2.	DISCUSIÓN.....	107
	CONCLUSIONES.....	115
	RECOMENDACIONES.....	116
	REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	117
	ANEXOS.....	129

INDICE DE FIGURAS

Figura 1: Morfología de la planta de papa.....	11
Figura 2: Fases fenológicas del cultivo de papa.....	12
Figura 3: Ciclos de producción de papa en el Perú.....	13
Figura 4: Sintomatología del tizón tardío en campo de cultivo.....	15
Figura 5. Relaciones Filogenéticas entre los cinco Reinos Eucariotas.....	17
Figura 6: Ubicación filogenética de <i>P. infestans</i> respecto a las especies del género <i>Phytophthora</i>	19
Figura 7: Esporangio con zoosporas, esporangios contenidos en el esporangióforo.....	20
Figura 8: Estructuras de reproducción sexual: Anteridio, oogonio y oospora.....	20
Figura 9: Ciclo sexual de <i>Phytophthora infestans</i>	21
Figura 10: Ciclo asexual de <i>Phytophthora infestans</i>	23
Figura 11: La expansión de regiones de genes conservados del genoma de <i>Phytophthora infestans</i> en comparación con <i>P. sojae</i> y <i>P. ramorum</i>	24
Figura 12: Molécula de ADN mitocondrial de <i>P. infestans</i>	24
Figura 13: Ruta de migración de <i>Phytophthora infestans</i>	26
Figura 14: Distribución mundial de <i>Phytophthora infestans</i>	26
Figura 15: Interrelación entre la Epidemiología y la Genética de poblaciones.....	27
Figura 16: Interacción Gen por Gen: Patógeno avirulento – hospedero resistente (A_1R_1) y Patógeno virulento – hospedero resistente (a_1r_1).....	46
Figura 17: Interacción Gen por Gen: Patógeno avirulento – hospedero susceptible (A_1r_1) y Patógeno virulento – hospedero susceptible (a_1R_1).....	46
Figura 18: Perfiles isoenzimáticos de Glucosa-6-fosfato isomerasa (GPI) y Peptidasa (PEP) de tres linajes de <i>P. infestans</i>	48
Figura 19: Diagrama de localización de regiones polimórficas del genoma mitocondrial de <i>P. infestans</i>	49
Figura 20: Patrones de migración electroforética de haplotipos mitocondriales de <i>P. infestans</i>	50
Figura 21: Representación gráfica de la migración electroforética de fragmentos de ADN usando la sonda RG57	51
Figura 22: Área geográfica de estudio a lo largo de los Andes Peruanos	55
Figura 23: Código de identificación de muestras	59
Figura 24: Metodología de muestreo del tejido vegetal infectado.....	60

Figura 25: Flujograma de métodos utilizados para obtención de material biológico, procesos moleculares y caracterización de muestras.....	61
Figura 26: Porcentaje de muestras colectadas a partir de las 4 especies de papa cultivada.....	76
Figura 27: Observación microscópica del apareamiento entre un aislamiento muestra y el control A2.....	77
Figura 28: Crecimiento micelial de un aislamiento Resistente (PCZ228 – R) sobre medio de cultivo V8 con metalaxyl.....	78
Figura 29: Crecimiento micelial de un aislamiento Moderadamente Resistente (PJU36 – MR) sobre medio de cultivo V8 con metalaxyl.....	78
Figura 30: Crecimiento micelial de un aislamiento Sensible (PAMA6 – S) sobre medio de cultivo V8 con metalaxy.....	78
Figura 31: Porcentaje de aislamientos resistentes (R), moderadamente resistentes (MR) y sensibles (S) a metalaxyl en cada departamento...79	79
Figura 32: Relación entre la respuesta a metalaxyl y la especie de papa cultivada.....	79
Figura 33: Reacciones de compatibilidad (+) e incompatibilidad (-) observadas en los folíolos de plantas diferenciales de papa portadoras de genes de resistencia R1 – R11, con el aislamiento PCZ191 de raza fisiológica R(1,3,4,7,10,11).....	81
Figura 34: Porcentaje de los factores de virulencia (<i>avr1</i> – <i>avr11</i>) observados en la población.....	83
Figura 35: Porcentaje de factores de virulencia (<i>avr1</i> – <i>avr11</i>) en aislamientos de diferentes departamentos.....	84
Figura 36: Porcentaje de factores de virulencia (<i>avr1</i> – <i>avr11</i>) presentes en aislamientos provenientes de <i>Solanum tuberosum</i> , <i>S. goniocalyx</i> , <i>S. chaucha</i> y <i>S. stenotomum</i>	85
Figura 37: Perfiles genéticos de los haplotipos mitocondriales Ia y IIa de muestras de Cajamarca y aislamientos control.....	87
Figura 38: Frecuencia de haplotipos mitocondriales (mtADN) en la población.....	87
Figura 39: Análisis de Estructura Genética Espacial en el software <i>STRUCTURE 2.3.4</i>	96
Figura 40: Análisis de Coordenadas Principales (PCA) realizado en el software <i>DARwin 6.0.13</i>	97
Figura 41: Dendrograma circular de 205 genotipos multilocus y diagrama de estructura genética de K=2 alrededor, graficados en la herramienta <i>iTOL v5</i>	98

Figura 42: Distribución de los 30 genotipos multilocus comunes en dos o más departamentos.....	104
Figura 43: Frecuencia de EC-1 y PE-3 en los departamentos y especies de papa cultivada.....	105
Figura 44: Respuesta a metalaxyl y factores de virulencia observados en EC-1 y PE-3.....	105

INDICE DE TABLAS

Tabla 1: Ubicación taxonómica de <i>Solanum tuberosum</i> L.,1753.....	7
Tabla 2: Disposición esquemática de la clasificación de papa cultivada.....	9
Tabla 3: Resumen de la clasificación taxonómica de las especies cultivadas de papa.....	10
Tabla 4: Calendario de siembras, cosechas y condiciones meteorológicas en los meses de cultivo de papa en las regiones productoras del Perú.....	14
Tabla 5: Estimaciones sobre la superficie cultivada con papa en la que incide <i>Phytophthora infestans</i> en los departamentos productores de papa del Perú.....	15
Tabla 6: Clasificación taxonómica de <i>P. infestans</i>	17
Tabla 7: Distribución de los niveles de ploidía de <i>P. infestans</i>	40
Tabla 8: Interacciones Gen por Gen: Incompatibilidad y Compatibilidad.....	45
Tabla 9: Genes de resistencia mayor a <i>P. infestans</i>	47
Tabla 10: Tamaño de los fragmentos de mtADN de linajes de <i>P. infestans</i>	50
Tabla 11: Marcadores microsatélites para <i>P. infestans</i>	53
Tabla 12: Características genotípicas, fenotípicas y especie hospedera de los aislamientos de referencia.....	56
Tabla 13: Altitud a la que se realizó la colecta, y cantidad de campos y muestras colectadas por departamento.....	60
Tabla 14: Concentración inicial y final de los 12 pares de marcadores SSR, y su volumen requerido para el Mix 10X.....	68
Tabla 15: Fluorescencia y rango de tamaño esperado de producto amplificado de los 12 SSR.....	69
Tabla 16: Alelos reportados por Li et al. (2013) para los 12 loci SSR.....	70
Tabla 17: Frecuencia de aislados de cada raza fisiológica en la población.....	82
Tabla 18: Diversidad de razas fisiológicas y complejidad de la virulencia en los nueve departamentos.....	86

Tabla 19: Genotipos multilocus de los aislamientos control correspondientes a los linajes clonales US-1, EC-1, PE-3, y PE-7 de <i>P. infestans</i> , y PE-8 de <i>P. andina</i>	88
Tabla 20: Genotipos multilocus (MLG) de 42 muestras de referencia de los 39 MLGs del linaje clonal PE-3 (MLG1 – MLG39), número de alelos y frecuencia en la población.....	89
Tabla 21: Genotipos multilocus (MLG) de 210 muestras de referencia de los 166 MLG del linaje clonal EC-1 (MLG40 – MLG77), número de alelos y frecuencia en la población.....	90
Tabla 22: Genotipos multilocus (MLG) de 210 muestras de referencia de los 166 MLG del linaje clonal EC-1 (MLG78 – MLG113), número de alelos y frecuencia en la población.....	91
Tabla 23: Genotipos multilocus (MLG) de 210 muestras de referencia de los 166 MLG del linaje clonal EC-1 (MLG114 – MLG144), número de alelos y frecuencia en la población.....	92
Tabla 24: Genotipos multilocus (MLG) de 210 muestras de referencia de los 166 MLG del linaje clonal EC-1 (MLG145 – MLG176), número de alelos y frecuencia en la población.....	93
Tabla 25: Genotipos multilocus (MLG) de 210 muestras de referencia de los 166 MLG del linaje clonal EC-1 (MLG177 – MLG205), número de alelos y frecuencia en la población.....	94
Tabla 26: Contenido de Información Polimórfica (PIC) obtenido para los 12 marcadores microsatélites (SSR).....	99
Tabla 27: Distribución de los 68 alelos registrados entre los linajes clonales EC-1 y PE-3.....	100
Tabla 28: Distribución geográfica de los alelos por departamento de procedencia.....	101
Tabla 29: Diversidad de genotipos multilocus de cada departamento según el Índice de Nei (H).....	102

INDICE DE ANEXOS

Anexo 1: Tabla informativa de datos de colecta de las 701 muestras de <i>P. infestans</i> estudiadas.....	129
Anexo 2: Tabla de características fenotípicas y genotípicas de las 701 muestras de <i>P. infestans</i> estudiadas.....	146

RESUMEN

La caracterización fenotípica y genotípica de individuos de *Phytophthora infestans*, causante del tizón tardío en cultivos de papa, *Solanum tuberosum* L., en zonas altoandinas del Perú, se realizó con el objetivo de conocer su diversidad fenotípica respecto al tipo de apareamiento, respuesta a metalaxyl y virulencia, y su diversidad genotípica relacionada al haplotipo mitocondrial y genotipo; para determinar la estructura poblacional y diversidad genética de *P. infestans* en los Andes Peruanos en 2016 y 2017.

Para ello, se muestrearon 117 campos afectados en Piura (24), Cajamarca (10), Amazonas (10), La Libertad (4), Ancash (18), Huánuco (11), Junín (19), Huancavelica (10) y Cusco (11), mediante un muestreo aleatorio de 1 a 5 puntos por campo. En cada punto se colectaron 2 muestras de tejido vegetal infectado con una sola lesión, obteniendo 701 muestras. De ellas, se seleccionaron 213 para aislar el micelio en medios de cultivo V8 y agar – centeno con el fin de determinar las características fenotípicas; así como en caldo de arveja para extraer el ADN y caracterizar genotípicamente. El ADN de las 488 muestras restantes fue colectado directamente en tarjetas FTA para la caracterización genotípica.

El tipo de apareamiento fue definido por la formación *in vitro* de oosporas frente a los aislamientos control de tipo A1 y A2. La respuesta a metalaxyl fue determinada por el crecimiento micelial a concentraciones de 0, 5, 50 y 100 ppm del principio activo en el medio V8. Las razas fisiológicas fueron establecidas según la reacción de compatibilidad específica con folíolos portadores de 11 genes de resistencia mayor. El haplotipo mitocondrial fue identificado mediante la electroforesis de productos amplificados con los cebadores *P2* y digeridos con la enzima *MspI*. Los genotipos fueron determinados mediante análisis del genotipado con 12 marcadores microsatélites en *GeneMarker 2.6.7*.

Todos los aislamientos fueron del tipo de apareamiento A1. Se identificaron 205 genotipos multilocus que, según los análisis de estructura genética realizados en *STRUCTURE 2.3.4* y *DARwin 6.0.13*, pertenecieron a los linajes clonales EC-1 (166) y PE-3 (39). Los primeros se encontraron en *S. tuberosum*, *S. chaucha*, *S. goniocalyx* y *S. stenotomum* de toda la región muestreada, y fueron predominantemente resistentes a metalaxyl (94%); mientras los segundos se encontraron en *S. tuberosum* y *S. chaucha* provenientes de Amazonas, Cajamarca, La Libertad y Ancash, y fueron mayormente sensibles a metalaxyl (44%). En ambos linajes clonales, la raza fisiológica más frecuente poseía 6 factores de virulencia (*avr1*, *avr3*, *avr4*, *avr7*, *avr10*, *avr11*).

Palabras clave: Fenotipo, genotipo, diversidad genética, estructura poblacional. I

INTRODUCCION

El Perú es el onceavo país productor de papa a nivel internacional y el primero en América Latina, el 90% del cultivo (318,530 ha/año) y cosecha (14,5 t/ha) de este tubérculo se genera en la sierra (INEI, 2017) y constituye la cuarta fuente de ingresos más representativa para el agricultor; aproximadamente 711 313 familias dependen de su producción y aporta el 4% del Producto Bruto Interno Agrícola (CIP, 2016). De las 4 500 variedades de papas, 2 500 son nativas del Perú (CGIAR – RTB, 2016).

El tizón tardío es la afección más devastadora del cultivo de papa, debido a su alta incidencia y severidad. El 42% del campo cultivado en Perú, está expuesto a la ocurrencia del tizón tardío (Egúsquiza & Apaza, 2001) que al intensificarse en un 20%, disminuye la producción entre 1 t/ha (Ortiz et al, 1999) y 6 t/ha (Baylon, 1987), causando pérdidas de US\$ 7 – US\$ 25 millones anuales (Ortiz et al, 1999) y requiriendo no menos de US\$ 740 millones en control químico (Baylon, 1987).

El agente responsable, *Phytophthora infestans* (Mont.) de Bary, es un patógeno hemibiotrófico de naturaleza policíclica (Ristaino, 2013), un oomyceto heterotálico (Erwin & Ribeiro, 1996) considerado una “especie de alto riesgo” en base a su potencial evolutivo (McDonald & Linde, 2002). Su enorme gama de mecanismos para adaptarse, generar y mantener la diversidad genética, se manifiesta en las variaciones fenotípicas y genotípicas, temporales y geográficas de su población (Cooke & Lees, 2004).

Recientemente y debido al cambio climático, *P. infestans* ha ocasionado pérdidas totales en chacras establecidas sobre los 3800 hasta los 4200 metros de altitud (Pérez, 2017) donde antes era relativamente inexistente (Egúsquiza & Apaza, 2001); amenazando la diversidad de papa que posee el Perú y también la economía de sus productores. El desconocimiento de las características fenotípicas y genotípicas de la población de *P. infestans* imposibilitan un manejo adecuado del tizón tardío e impiden detectar los factores que conducen la evolución de su población en el Perú.

En este contexto, es necesario e importante describir y cuantificar la variabilidad fenotípica que refleja la patogenicidad y resistencia a fungicidas de la población causante del tizón tardío de la papa, así como la variabilidad genotípica que permite inferir las fuerzas evolutivas que afectan la variación genética y su distribución dentro y entre poblaciones (McDonald y Linde, 2002) y como se interrelacionan en el Perú; ya que esta información es primordial para deducir los procesos biológicos que conducen al cambio de la diversidad y estructura genética de la población de *P. infestans* a través del tiempo y el espacio, influye en su evolución (Pérez & Forbes, 2008), y contribuirá en el diseño de estrategias para combatir el tizón tardío de la papa en los Andes Peruanos.

PLANTEAMIENTO DEL PROBLEMA

La población de *Phytophthora infestans* que afecta cultivos de papa en el Perú se ha distribuido extensamente a lo largo de los Andes mientras su estructura y diversidad genética ha cambiado con el transcurso de los años; desde estar presente únicamente en los Andes Centrales (2000 – 3500 m.s.n.m.) y compuesta por un solo linaje clonal (US-1) (Goodwin, Cohen, & Fry, 1994) de razas patogénicas simples (Tooley, Therrien, & Ritch, 1989), hasta presentar múltiples linajes clonales (EC-1, PE-3, US-1, PE-5, PE-6 según Pérez et al., 2001, y PE-7 según Garry et al., 2001 y 2005) de amplia virulencia, diversas respuesta al fungicida metalaxyl y extendidos en el Norte, Centro y Sur de los Andes Peruanos (2280 – 3810 m.s.n.m.).

En la última década, ha destruido campos de papa sobre los 3800 hasta los 4200 metros de altitud (Pérez, 2017); sin embargo, se desconocen las características fenotípicas y genotípicas que han influido en su reciente éxito epidemiológico a esta altura, y que probablemente también hayan afectado la diversidad y estructura genética a través de la cual los individuos de la población de *P. infestans* se interrelacionan a lo largo de la zona altoandina del Perú.

El desconocimiento de características fenotípicas como el tipo de apareamiento, respuesta a metalaxyl y virulencia; y genotípicas como el haplotipo mitocondrial y genotipo de los individuos de *P. infestans*, imposibilita el estudio de la estructura y diversidad genética de su población que es necesario para comprender su éxito epidemiológico en alturas donde eran relativamente inexistentes.

FORMULACIÓN DEL PROBLEMA

PROBLEMA GENERAL

¿Cuáles son las características fenotípicas y genotípicas de la población de *Phytophthora infestans* (Mont.) de Bary que afecta cultivos de papa (*Solanum tuberosum*) en nueve departamentos del Perú?

PROBLEMAS ESPECÍFICOS

1. ¿Qué tipo de apareamiento, respuesta a metalaxyl y razas fisiológicas caracterizan a los aislamientos de *P. infestans* provenientes de los cultivos de papa (*S. tuberosum*) en nueve departamentos del Perú?
2. ¿Qué haplotipos mitocondriales y genotipos se presentan en la población de *P. infestans* proveniente de cultivos de papa (*S. tuberosum*) de nueve departamentos del Perú?
3. ¿Cómo son la estructura poblacional y diversidad genética de la población de *P. infestans* que afecta a los cultivos de papa (*S. tuberosum*) en nueve departamentos del Perú?

JUSTIFICACION

Las características fenotípicas y genotípicas de la población actual de *Phytophthora infestans* en los Andes Peruanos proporcionará información acerca de la estructura y diversidad genética del patógeno, el comportamiento de su población así como la gravedad e incidencia de la enfermedad del tizón tardío en el cultivo de la papa. Esta información servirá para realizar inferencias sobre los cambios evolutivos sucedidos en los individuos de *P. infestans*, haciendo posible el diseño de estrategias predictivas de manejo del tizón tardío con el fin de disminuir las pérdidas y costos económicos que implica a nivel nacional.

En el marco del Plan Nacional Estratégico de Ciencia, Tecnología e Innovación para la Competitividad y el Desarrollo Humano PNCTI 2006 – 2021, la presente investigación se alinea a las Ciencias de la Vida y Biotecnología con el objetivo de generar conocimiento que permita atender las demandas de los sectores prioritarios (Consejo Nacional de Ciencia, Tecnología e Innovación Tecnológica CONCYTEC, 2006). Así, el estudio de *P. infestans* contribuirá a la protección fitosanitaria del cultivo de papa frente al tizón tardío, siendo de suma importancia para el Sector Agrario Peruano.

Adicionalmente, la información generada contribuye al logro de las metas planteadas en la Agenda Regional de Investigación Cusco al 2021, dentro del Eje Temático de Producción, Calidad y Competitividad de Productos Agropecuarios (Alagón, Fernández y Giusti, 2015). Los resultados obtenidos proveen una visión de la interrelación que mantienen los individuos de *P. infestans* provenientes del Cusco y sus símiles encontrados a lo largo de los Andes Peruanos a través del análisis de su estructura genética poblacional, esta información contribuirá en monitoreo evolutivo de la población de *P. infestans* y el diseño de estrategias para el manejo del tizón tardío con el fin de mejorar de los ingresos económicos de los agricultores de la región Cusco.

OBJETIVOS

OBJETIVO GENERAL

Determinar las características fenotípicas y genotípicas de la población de *Phytophthora infestans* (Mont.) de Bary que afecta a cultivos de papa (*Solanum tuberosum* L.) en nueve departamentos del Perú.

OBJETIVOS ESPECIFICOS

1. Determinar el tipo de apareamiento, la respuesta frente a metalaxyl y las razas fisiológicas que caracterizan a los aislamientos de la población de *P. infestans* provenientes de los cultivos de papa (*S. tuberosum*) en nueve departamentos del Perú.
2. Identificar los haplotipos mitocondriales y genotipos que presenta la población de *P. infestans* proveniente de los cultivos de papa (*S. tuberosum*) en nueve departamentos del Perú.
3. Determinar la estructura y diversidad genética de la población de *P. infestans* que afecta a los cultivos de papa (*S. tuberosum*) en nueve departamentos del Perú.

CAPÍTULO I

MARCO TEORICO

1.1. MARCO REFERENCIAL

1.1.1. ANTECEDENTES INTERNACIONALES

Goodwin, Cohen, y Fry (1994) analizaron la variación genética de individuos de *Phytophthora infestans* colectados en 20 países diferentes de los 5 continentes, incluyendo aislados Peruanos colectados en 1982 y 1984 – 1986. El patrón de bandas de una submuestra de 200 aislamientos evidenció que el linaje clonal US-1, de tipo de apareamiento A1 y haplotipo mitocondrial Ib, era dominante a nivel mundial.

Deahl et al. (2003) caracterizaron 25 aislamientos colectados en Uruguay entre 1998 y 1999, todos ellos pertenecieron al linaje clonal BR-1 de tipo de apareamiento A2 y con haplotipo mitocondrial IIa. El 92% eran resistentes a metalaxyl. Ninguno de los aislamientos fue virulento para R9, pero todos lo fueron para R1 y R4; además el promedio de factores de virulencia por aislamiento fue de 7.8 y 6.7 para aquellos muestreados en 1998 y 1999 respectivamente.

Reis, Smart, Fry, Maffia, y Mizubuti (2003) estudiaron 184 aislamientos colectados del sur y sudeste de Brasil, hallando 82 % perteneciente al linaje clonal BR-1, de haplotipo mitocondrial IIa, tipo de apareamiento A2 y predominantemente sensibles a metalaxyl (44.4 %). El 18 % restante era US-1, en su mayoría sensibles a metalaxyl (52%).

Briceño et al. (2009) examinaron 84 aislamientos colectados durante 2004 – 2007 en Venezuela. Todos ellos mostraron pertenecer al tipo de apareamiento A1, haplotipo mitocondrial Ia, excepto uno, el cual era capaz de autofertilizarse y poseía haplotipo IIa.

Gilchrist, Jaramillo, Afanador, y Arango (2009) evaluaron los aislamientos provenientes de Antioquía, Colombia colectados entre 1994 y 2000. Reportaron que el tipo de apareamiento A1 y el haplotipo mitocondrial IIa eran propios de aquellos colectados de papa, y además presentaban numerosos factores de virulencia (10 de 11) estando asociados a la población EC-1.

Guo et al. (2009) analizaron las características genotípicas y fenotípicas de 48 aislamientos colectados en el norte de China durante 1997 y 2003. Todos los aislamientos presentaron grupo de apareamiento A1, haplotipo mitocondrial IIa y un mismo patrón de bandas SSR, designado SG-01-01, el cual era diferente a los genotipos de referencia. El espectro de virulencia fue altamente variable y el análisis reveló baja diversidad genotípica a pesar de la gran variedad de razas fisiológicas.

Vargas et al. (2009) estudiaron 50 aislamientos colectados en Cundinamarca, Colombia durante el 2006. Todos ellos pertenecientes al linaje clonal EC-1.

Acuña et al. (2011) caracterizaron la población de *P. infestans* colectada entre los años 2003 y 2011 al sur de Chile. Reportaron cambios genéticos a pesar de la constancia del tipo de apareamiento A1 a lo largo del estudio, pues la población era susceptible a metalaxyl hasta Mayo del 2004 y después fue resistente además de mostrar patotipos altamente complejos, el haplotipo mitocondrial la estuvo presente en toda la población mientras el Ib se reportó únicamente para la primera colección, los perfiles SSR divergieron de los reportados en poblaciones previas.

Lucca y Huarte (2011) estudiaron 87 aislamientos colectados durante tres periodos de tiempo diferentes en Argentina. Las muestras del periodo 1992 – 1995, fueron 25% del tipo de apareamiento A1 y 75% del tipo A2, con 4 factores de virulencia (1, 4, 10, 11). Los aislamientos de 1997 – 1999 fueron del tipo A2, haplotipo mitocondrial IIa y presentaron 6 factores de virulencia (1, 3, 4, 8, 10, 11). Aquellos muestreados durante 2009 – 2010 eran del tipo de apareamiento A1, haplotipo mitocondrial Ia y todos los factores de virulencia se presentaron en al menos uno de los aislamientos.

Pule et al. (2012) evaluaron 45 muestras colectadas de papa cultivada en África Subsahariana entre 2005 – 2009, y reportaron que todas ellas eran de tipo de apareamiento A1. Los aislamientos del genotipo predominante US-1 de haplotipo mitocondrial Ib, mostraron resistencia a metalaxyl cuando provenían del sur (KwaZulu-Natal, Cabo oeste), susceptibilidad cuando eran del sudeste (Malawi), y resistencia (45.8 %), susceptibilidad (37.5 %) así como comportamientos intermedios (16.7%) si eran del centro este (Burundi, Kenia, Ruanda, Tanzania y Uganda). Por otro lado, se encontró el genotipo KE-1, de haplotipo mitocondrial Ia y susceptible a metalaxyl en muestras provenientes de dos campos de Kenia.

Hu et al. (2012) analizaron 178 aislamientos colectados entre 2002 y 2009, provenientes de Estados Unidos y Canadá, provenientes de papa y tomate. Se identificaron los siguientes genotipos mediante el uso de RFLP con la sonda RG-57: US-8 y US-22, de tipo de apareamiento A2, US-23 y US-24, de tipo de apareamiento A1. Todos ellos de haplotipo mitocondrial Ia. Respecto a la susceptibilidad a mefonoxan, US-8 mostró un comportamiento entre resistente e intermedio, mientras US-22, US-23 y US-24 variaron entre intermedio y sensible.

Li et al. (2012) muestrearon 652 aislamientos en campos de cultivo comercial de papa en Holanda entre los años 2000 y 2009. El genotipado de una submuestra de 322 aislamientos usando 12 marcadores microsatélites altamente informativos, fue analizada con el software STRUCTURE identificando el linaje clonal Blue-13 caracterizado por el tipo de apareamiento A2 y el haplotipo mitocondrial Ia.

Delgado et al. (2013) examinaron una muestra de 66 aislamientos colectados en Ecuador. Todos exhibieron el tipo de apareamiento A1 y genotipo EC-1. La población estuvo constituida por 49 razas complejas.

Santana, Gomes, Rombaldi, Bianchi, y Reis (2013) estudiaron 131 muestras colectadas al sur de Brasil. De aquellos aislamientos que se comportaron como A2 (103), el 46 % presentó haplotipo mitocondrial IIa correspondiente al linaje clonal BR-1 mientras el 54% era de haplotipo IIa, los aislamientos de tipo de apareamiento A1 (27) y el único aislamiento de tipo A1/A2 presentaron haplotipo Ia, Estos últimos tres linajes eran reportados por primera vez. Todos los genotipos mostraron moderada resistencia y sensibilidad frente a metalaxyl.

Li et al. (2013) caracterizaron la distribución poblacional de *P. infestans* en el sureste de China a partir de 229 aislamientos. Se identificaron tres haplotipos mitocondriales (Ia, IIa, IIb) y tres genotipos dominantes (Blue-13, CN01, CN02), todos pertenecientes al grupo de apareamiento A1. Se observaron hasta 3 razas complejas, siendo R2 el único factor de virulencia no incluido. Este es el primer reporte del Blue-13 fuera de Europa.

Plata (1998), citado por **Gabriel (2014)**, reportó la virulencia de las poblaciones de *Phytophthora infestans* colectada en Cochabamba, Bolivia, durante 1993 – 1994. Los genes más frecuentes fueron 1, 3, 7, 10, y 11, menos frecuentes 2, 4, y 6, y poco frecuentes 5, 8, y 9. **Gabriel (2014)** indica que posteriormente se evidenció que los

genes 5 y 9 se tornaron frecuentes, y que los estudios llevados a cabo entre 1990 y 2001 en Bolivia, no evidenciaron la reproducción sexual (producción de oosporas) ya que se ha reportado únicamente el linaje clonal BR-1 de haplotipo mitocondrial Ila y tipo de apareamiento A2.

Alarcón, Valadez y Lozoya (2014) analizaron 88 aislamientos colectados en experimentos de campo entre 2008 y 2010 en Chapingo, México. La homología entre las secuencias de los genes *β -tubulina*, *Ras*, e *Intron Ras* de estos aislados y aquellos reportados en los Andes Sudamericanos y Europa, fue del 100%. Según **Alarcón (2011)** los tipos de apareamiento A1 y A2 fueron encontrados en cantidades iguales.

Alor (2015) evaluó 52 aislamientos de las regiones productoras de papa más importantes en España. Identificó los tipos de apareamiento A1 (44,2%) y A2 (55,8%), indicando el riesgo de reproducción sexual. A continuación determinó que el haplotipo mitocondrial dominante (Ia) sugería la presencia de los linajes clonales US-7 y US-8. Subsecuentemente, el análisis con marcadores microsatélites SSR reveló el genotipo dominante 2_A1 12, y otros como Blue-13 (13_A2) y sus variantes. Finalmente, el ensayo de virulencia le permitió identificar 17 razas fisiológicas.

Danies (2015) analizó 116 aislamientos provenientes de Estados Unidos. Los alelos exitosamente distinguidos con el uso de 11 microsatélites diferenciaron 4 genotipos de haplotipo mitocondrial Ia: US-8 y US-22, caracterizados por el tipo de apareamiento A2; mientras US-23 y US-24 manifestaron ser del tipo A1. Sólo US-8 manifestó resistencia a mefenoxam, pues los otros genotipos fueron sensibles.

Njoroge, Tusiime, Forbes y Yuen (2015) evaluaron aislamientos provenientes de Kenia (260) y Uganda (134) colectados durante 2011 y 2012. Encontraron que todos los aislamientos de Kenia así como aquellos colectados al este de Uganda fueron del genotipo predominante KE-1, mientras el genotipo US-1 sólo se presentó en muestras provenientes de Uganda centro y oeste.

Tian et al. (2016) caracterizaron 959 aislamientos colectados entre los años 2009 y 2011 al noreste de China. Los marcadores SSR permitieron identificar 151 genotipos, siendo Blue-13 el genotipo dominante; aquellos aislamientos que poseían patrones idénticos se encontraban en diferentes regiones, sugiriendo posibles migraciones. Se identificaron 4 razas patogénicas, implicando todos los factores de virulencia (R1-R11), y tres haplotipos mitocondriales (Ia, Ila, Ib). La población del año

2009 mostró signos de reproducción sexual mientras durante los años 2010 y 2011 los aislamientos fueron capaces de autofertilizarse primando la reproducción asexual.

Chaves et al. (2018) analizaron la variación genética de 279 aislamientos de la región central de Colombia, los resultados mostraron alta variación genética y un solo linaje clonal, EC-1, ningún genotipo dominante.

1.1.2. ANTECEDENTES NACIONALES Y LOCALES

Tooley, Therrien, y Ritch (1989) caracterizaron 34 individuos de *P. infestans* que afectaban papa cultivada en los Andes Centrales (2000 – 3500 msnm). El grupo de apareamiento de todos ellos fue A1, y las razas patogénicas más frecuentes 0, 1 y 1,5 representaron el 33%, 39% y 15% de la población respectivamente. Al comparar los perfiles isoenzimáticos con aislamientos previamente caracterizados en México, Estados Unidos y Europa, los aislamientos peruanos mostraron similitud con aquellos provenientes de Estados Unidos y Europa; sugiriendo un ancestro en común para las tres poblaciones.

Pinedo et al. (1999) reportaron que las poblaciones de *P. infestans* provenientes de las Lomas de Lachay (180 km al norte de Lima, 600 msnm) y de las Lomas de La Molina (en las afueras del oeste de Lima, 550 msnm) pertenecían en su totalidad al grupo de apareamiento A1 y mostraron avirulencia a R1. Además identificaron los linajes EC-1 y PE-7 mediante su caracterización por RFLP con la sonda RG-57.

Pérez et al. (2001) determinaron que la poblacional de *P. infestans* en el centro y sur de los Andes Peruanos pertenecía al tipo de apareamiento A1 e identificaron 5 genotipos: EC-1, US-1, PE-3, PE-5, PE-6. Los análisis de haplotipos mitocondriales confirmaron las identidades de US-1 (Ib), EC-1 (IIa) y PE-3 (Ia). Los aislamientos de genotipo EC-1 mostraron, en su mayoría, resistencia a metalaxyl; en contraste con aquellos pertenecientes a US-1 que manifestaron sensibilidad, y PE-3 que presentaron resistencia, moderada sensibilidad y sensibilidad. EC-1 y PE-3 muestran un amplio espectro de virulencia (7.4 y 6.6, respectivamente) en contraste a US-1 (2.2).

Garry et al. (2001) colectaron 287 aislamientos provenientes de diferentes cultivares de papa, especies de papa silvestre, *Solanum caripense* y tomate silvestre

en los Andes del norte y centro del Perú. Los genotipos hallados coincidieron con aquellos reportados anteriormente EC-1, PE-3, PE-7 y US-1. El genotipo dominante en papa cultivada y silvestre fue EC-1, mientras que PE-7 y PE-3 se encontraron en menor frecuencia y US-1 solo se presentó en papa silvestre.

Garry et al. (2005) reportaron que 115 aislamientos de *P. infestans* en el norte y centro del Perú (700 – 3000 msnm) pertenecían al tipo de apareamiento A1. Además identificaron los genotipos EC-1 (IIa), PE-3(Ia), US-1(Ib) y PE-7 (Ia). La resistencia a metalaxyl caracterizo a los aislamientos EC-1, mientras que PE-3 y algunos US-1 mostraron moderada sensibilidad, y la mayoría de US-1 y todos los de genotipo PE-7 manifestaron sensibilidad.

1.2. MARCO CONCEPTUAL

1.2.1. LA PAPA CULTIVADA

1.2.1.1. ORIGEN Y EVOLUCIÓN

Hawkes (1978) señala que los Andes entre el Cusco y el Lago Titicaca habrían sido el centro genético originario de la papa dado que en este ecosistema se encontraron gran número de especies silvestres, variedades nativas y una variabilidad genética excepcionalmente alta de clones primitivos morfológica y filogenéticamente relacionados a la papa cultivada. Esta extraordinaria variabilidad genética de papas en Perú y Bolivia fue observada por Juzecpzuck y Bukasov (1925, 1932) durante su expedición científica en el Centro y Sur de América.

La primera papa cultivada fue la especie diploide *Solanum stenotomum* ($2n=2x=24=AA$), originaria de los Andes del centro sur del Perú desde donde se habría diseminado hacia los valles interandinos y el altiplano, distribuyéndose por todo el Tahuantinsuyo durante el Imperio Incaico (Hawkes, 1990).

Solanum stenotomum comprende solanaceas diploides capaces de florecer y tuberizar estando sometidas a condiciones de días cortos que, mediante continuos eventos de poliploidización sexual producidos en distintas latitudes, dio origen a *Solanum andigena*, una especie auto y alotetraploide altamente polimórfica, cuyo cultivo se generalizó masivamente en América del Sur debido a su adaptación a días cortos (Rodríguez, 2009).

Probablemente, *S. andigena* habría originado a *Solanum tuberosum* subsp. *tuberosum* o *S. tuberosum* Grupo Chilotanum, estas papas tetraploides prosperan en las zonas costeras de Chile y se caracterizan por su preferencia de días largos lo cual facilitó su dispersión y adaptación en Europa en comparación a la especie *S. andigenum* (Rodríguez, 2010).

1.2.1.2. TAXONOMIA

Linnaeus (1753) refirió la papa cultivada común como la especie *S. tuberosum* L. y planteó categorizar jerárquicamente las especies de acuerdo a sus rasgos morfológicos en común así como la asignación de un nombre único mediante una fórmula binominal compuesta del nombre del género seguido del epíteto específico (Tabla 1).

Tabla 1: Ubicación taxonómica de *Solanum tuberosum* L., 1753; adaptado de Linnaeus (1753) y Ruggiero et al. (2015).

REINO	Plantae
PHYLUM	Tracheophyta
CLASE	Magnoliopsida
ORDEN	Solanales
FAMILIA	Solanaceae
GÉNERO	<i>Solanum</i> L., 1753
ESPECIE	<i>Solanum tuberosum</i> L., 1753

Posteriormente, este sistema fue adoptado por el Código Internacional de Nomenclatura Botánica (ICBN-International Code of Botanical Nomenclature).

En contraste, el Código Internacional de Nomenclatura de Plantas Cultivadas (ICNCP-International Code of Nomenclature of Cultivated Plants) utiliza un sistema no jerárquico para clasificar las plantas cultivadas argumentando que su generación fue consecuencia de procesos de selección realizados por los humanos, manteniendo la identidad de las especies cultivadas y en otros casos generando variabilidad (Rodríguez, 2009). Dos únicos niveles se utilizan según este código, cultivar y grupo

cultivado, pudiendo utilizarse bajo una forma, variedad, subespecie, especie y/o incluso género, además de ser factible que pertenezca a más de uno o dos grupos cultivados paralelamente (Ochmann, 2004).

Primeramente, las categorías propuestas por el ICNCP fueron utilizadas por Dodds (1962) para clasificar las papas cultivadas como grupos cultivados dentro de una especie única, contemplando tres especies: *S. juzepczukii*, *S. curtilobum* y *S. tuberosum* (Tabla 2). Posteriormente, Bukasov y Lechnovich (1971) fueron los primeros en clasificar las papas cultivadas usando el sistema del ICBN, así describieron 21 especies y consideraron separadamente a *S. andigena* y *S. tuberosum*. Fueron seguidos por Hawkes (1990), quien refirió siete especies cultivadas y siete subespecies, a la par que Ochoa (1999) diferenció nueve especies cultivadas y dos subespecies.

Por otro lado, Huaman y Spooner (2002) unificaron todas las especies cultivadas dentro de *S. tuberosum* L., con ocho grupos cultivados: Ajanhuiri, Andigena, Chaucha, Chilotanum, Curtilobum, Juzepczukii, Phureja y Stenotomum.

Por último, Spooner et al. (2007) dividieron las papas nativas en cuatro especies: *S. ajanhuiri* (diploide), *S. juzepczukii* (triploide), y *S. curtilobum* (pentaploide) y *S. tuberosum* L., con los grupos cultivados Andigena (Andiegenum, papas andinas diploides y tetraploides, adecuadas a los Andes desde Venezuela hasta Argentina), y Chilotanum (papas acondicionadas a día largo como en las tierras bajas del centro y sur de Chile, y el archipiélago de los Chonos) (Tabla 3).

Actualmente, genera controversia la idoneidad de clasificar la papa según lo propuesto por Linnaeus (1753) y adoptado por el ICBN, o como una sola especie que posea diferentes grupos cultivados contemplados en *S. tuberosum* empleando la nomenclatura planteada por el ICNCP;.

Tabla 2: Disposición esquemática de la clasificación de papa cultivada, tomado de Dodds (1962).

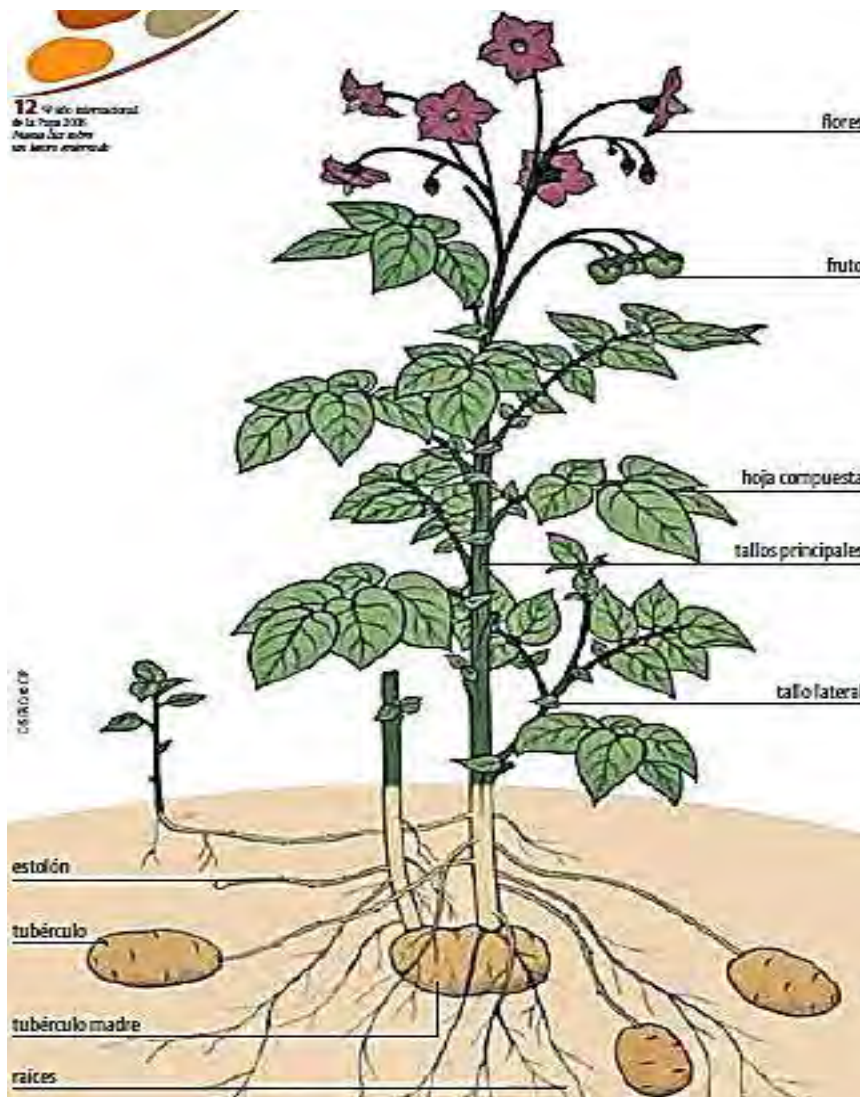
ESPECIE	PLOIDIA	GRUPO	DISTRIBUCIÓN PRINCIPAL	ORIGEN	OBSERVACIÓN
<i>S. tuberosum</i>	2x	Stenotomum	1) Bolivia y Centro del Perú	Especie diploide silvestre desconocida	Incluye al subgrupo Goniocalix.
		Phureja	2) Venezuela y Norte del Perú		Incluye al subgrupo Amarilla.
	3x	Chaucha	3) Bolivia y Centro del Perú	Múltiples cruzamientos de (1) y (2) por (4).	Mezclado con (1) y (4) en el campo.
	4x	Andígena	4) Europa y Norte de Argentina	Duplicado de número de cromosomas de (1) y (2).	
		Tuberosum	5) Europa y Norte América	Selección a partir de (4).	
<i>S. X juzepczukii</i>	3x		6) Bolivia y Centro del Perú	Cruzamiento entre (1) y <i>S. acaule</i>	Pocos e irrelevantes. Usualmente combinados con (1) y (4).
<i>S. X curtilobum</i>	5x		7) Bolivia y Centro del Perú	Cruzamiento entre (4) y (6).	Pocos e irrelevantes. Usualmente combinados con (1), (4) y (6).

Tabla 3: Resumen de la clasificación taxonómica de las especies cultivadas de papa; adaptado de Hawkes (1990), Huaman y Spooner (2002) y Spooner et al. (2007).

Ploidía	Dodd (1962)	Bukasov (1971), Lechnovich (1971)	Hawkes (1990)	Ochoa (1990, 1999)	Huamán y Spooner (2002)	Spooner et al. (2007)
2x	<i>S. tuberosum</i>	<i>S. ajanhuiri</i> Juz. y Bukasov	<i>S. ajanhuiri</i>	<i>S. ajanhuiri</i>	<i>S. tuberosum</i>	<i>S. ajanhuiri</i>
	Grupo Stenotomum	<i>S. canarense</i> Juz. y Bukasov	<i>S. stenotomum</i>	<i>S. stenotomum</i>	Grupo Ajanhuiri	
	Subgrupo Gonio calyx	<i>S. erlansonii</i> Bukasov	ssp. <i>gonio calyx</i>	<i>S. gonio calyx</i>	Grupo Stenotomum	
	Subgrupo Stenotomum	<i>S. gonio calyx</i> Juz. y Bukasov	ssp. <i>stenotomum</i>			
	Grupo Phureja	<i>S. macmillanii</i> Bukasov				
	Subgrupo Amarilla	<i>S. phureja</i> Juz. y Bukasov				
	Subgrupo Phureja	<i>S. rybinii</i> Juz. y Bukasov <i>S. stenotomum</i> Juz. y Bukasov	<i>S. phureja</i> ssp. <i>hygrothermicum</i> ssp. <i>phureja</i>	<i>S. phureja</i>	Grupo Phureja	
3x	<i>S. tuberosum</i>	<i>S. boyacense</i> Juz. y Bukasov	<i>S. chaucha</i>	<i>S. chaucha</i>	Grupo Chaucha	<i>S. juzepczukii</i>
	Grupo Chaucha	<i>S. chaucha</i> Juz. y Bukasov <i>S. chocco</i> Bukasov <i>S. ciezas</i> Bukasov y Lechn. <i>S. cuencanum</i> Juz. y Bukasov				
	<i>S. juzepczukii</i>	<i>S. juzepczukii</i> Bukasov <i>S. mamilliferum</i> Juz. y Bukasov <i>S. tenuifilamentum</i> Juz. y Bukasov	<i>S. juzepczukii</i>	<i>S. juzepczukii</i>	Grupo Juzepczukii	
4x	<i>S. tuberosum</i>	<i>S. andigenum</i> Juz. y Bukasov	<i>S. tuberosum</i>	<i>S. tuberosum</i>		<i>S. tuberosum</i>
	Grupo Andigena	<i>S. molinae</i> Juz.	ssp. <i>andigena</i>	ssp. <i>andigena</i>	Grupo Andigena	Grupo Andigena
	Grupo Tuberosum	<i>S. leptostigma</i> Juz. <i>S. tuberosum</i> L.	ssp. <i>tuberosum</i>	ssp. <i>tuberosum</i> <i>S. hygrothermicum</i>	Grupo Chilotanum	Grupo Chilotanum
5x	<i>S. curtilobum</i>	<i>S. curtilobum</i> Juz. y Bukasov	<i>S. curtilobum</i>	<i>S. curtilobum</i>	Grupo Curtilobum	<i>S. curtilobum</i>

1.2.1.3. MORFOLOGÍA

Según describe Huamán (1986) las flores son pentámeras y autógamas, de ovario bilocular, estilo y estigma simples con cinco estambres, corola entera de color blanco, azul, rosado o morado, cáliz acampanado, se congregan en racimos terminales y conforman una inflorescencia cimosa; cada pedicelo posee una articulación a nivel del tercio medio a partir de la cual se desprende del tallo la flor o el fruto, los lóbulos del cáliz cortos y dispuestos regularmente; el fruto es una baya con numerosas semillas botánicas, cada una envuelta en una testa que protege al embrión y al endospermo; las hojas son imparipinnadas o simples en variable; el sistema de tallos se compone de estolones y tubérculos; existe un solo tallo principal cuando la planta se genera de semilla botánica mientras varios tallos laterales se emiten si provienen de tubérculos – semilla; los estolones son tallos laterales de crecimiento subterráneo y horizontal en cuyo extremo apical se generan los



tubérculos, principales órganos de almacenamiento de la planta, con yemas superficiales a manera de ojos en espiral; el peridermo o cáscara es delgada, posee poros respiratorios llamados lenticelas, encargados del intercambio de gases con el ambiente; su color varía al igual que el de la pulpa; la raíz es axonomorfa con ramificaciones laterales, capaces de formar raíces adventicias (Figura 1).

Figura 1: Morfología de la planta de papa, tomado de FAO (2008), imagen original de Huamán, Zósimo (1986).

1.2.1.4. CULTIVO

Yzarra y López (2011) señalan que la papa es un cultivo de clima templado, capaz de desarrollarse a temperaturas superiores a 10° C e inferiores a 30° C, la mejor producción se obtiene en el rango de 18° - 20° C. Su ciclo de producción dura en promedio 120 días. La siembra se realiza a partir de tubérculos semilla. Durante la emergencia se observan las primeras hojas del brote por encima de la tierra; posteriormente, se desarrollan ramas laterales que nacen del tallo central, para el desarrollo del follaje en la porción aérea y el desarrollo de rizomas que engrosarán en su porción distal para tuberizar lo cual indica que es tiempo de aporcar, los últimos brotes en aparecer son los florales. La maduración del tubérculo se intuye a partir del amarillamiento del follaje, el cual se cosecha primero para facilitar la adhesión de la cáscara, por último se cosecha el tubérculo (Figura 2).

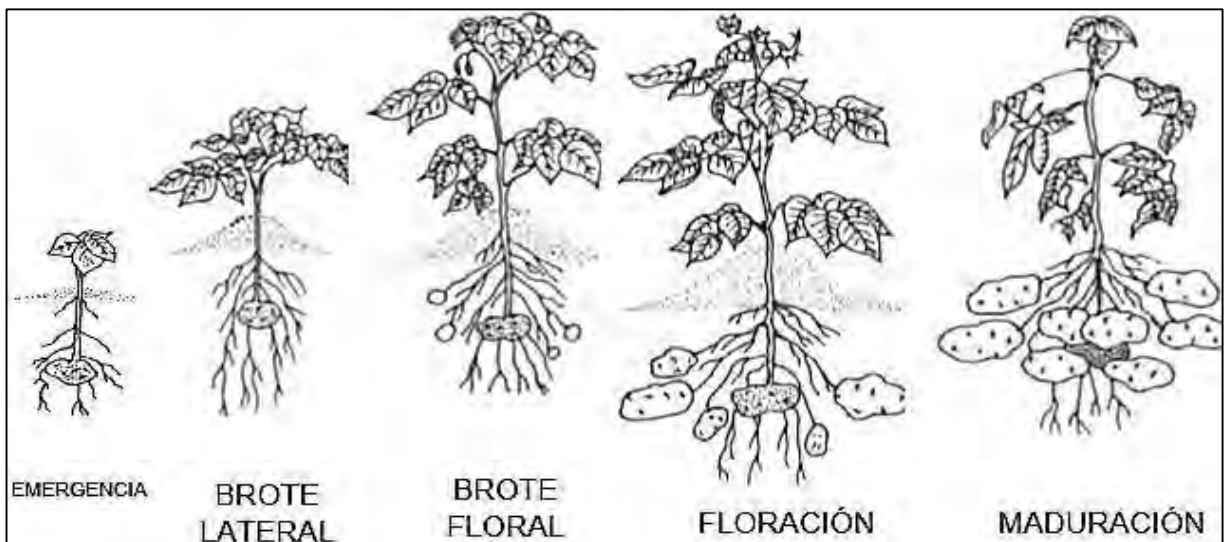


Figura 2: Fases fenológicas del cultivo de papa, tomado de Yzarra y López (2011).

Las campañas agrícolas en el Perú son tres y varían en función del nivel del mar como refieren Egúsqiza y Apaza (2001), es así que en la costa (0 a 500 msnm) y la región media (500 a 3000 msnm) el ciclo productivo se realiza en la ausencia de lluvia compensada por la humedad relativa alta y el riego respectivamente, mientras en la zona alta (3000 a 4000 msnm) depende principalmente de la época de lluvias (Figura 3).

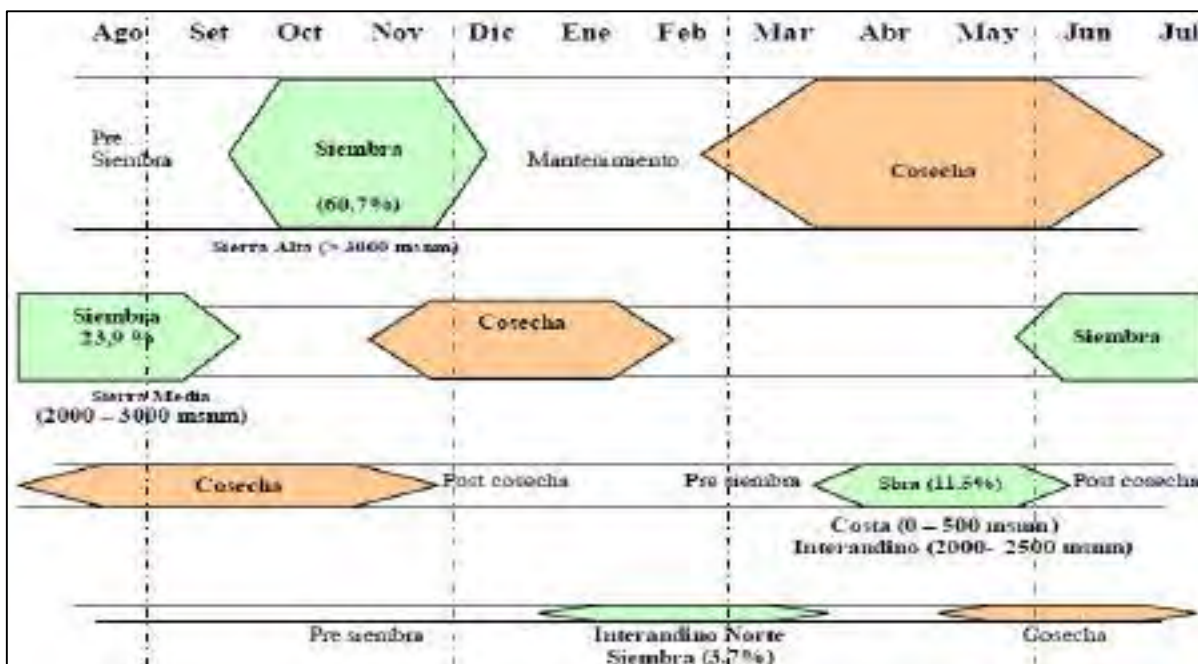


Figura 3: Ciclos de producción de papa en el Perú, tomado de Egúsqiza (2008).

1.2.1.5. EL TIZÓN TARDÍO DE LA PAPA

El tizón tardío de la papa, también conocido como ranchara o añublo, es la enfermedad más devastadora del cultivo, representa una amenaza constante de alta incidencia y severidad, y estas características se relacionan con niveles altos de pluviosidad y humedad como describen Egúsqiza y Apaza (2001):

El periodo de producción Costero (0 a 500 msnm) sucede en escasez de la precipitación pluvial lo cual limita el desarrollo del tizón tardío; sin embargo, la humedad relativa (HR) es alta (Tabla 4) y favorece el desarrollo de la enfermedad sobretodo en años y localidades en las que supera el 95% durante periodos prolongados y más aún si hay prexistencia de inóculo.

Por su parte, la “siembra adelantada” en Sierra media (500 a 3000 msnm) se realiza durante la ausencia de lluvias sobre los valles bajos interandinos así como en pendientes occidental (marítima) y oriental (amazónica) de la cordillera andina (Tabla 4), por ello requiere de riego durante el crecimiento inicial del cultivo mientras la etapa de maduración coincide con la temporada de lluvias; por consiguiente, la incidencia y daño por el tizón tardío es relativamente menor. En contraposición, las siembras que se establecen con el principio de las precipitaciones tanto en la sierra baja como en la pendiente amazónica son altamente vulnerables.

Por último, la mayor superficie sembrada corresponde a la Sierra alta (3000 a 4000 msnm), depende totalmente del agua de lluvias y se sitúa sobre áreas agrícolas de secano donde suelen converger la pluviosidad y la elevación de temperatura que favorecen el desarrollo del tizón tardío; sin embargo, la incidencia y daños depende de la altura. Así, la ranca afecta los cultivos de papa establecidos entre 3000 a 3300 msnm cuando la época de lluvias coincide con los estadios de crecimiento y maduración; la ocurrencia y perjuicios por la enfermedad entre 3300 a 3600 msnm se da siempre que la temperatura se eleva durante la época de lluvias; y, relativamente es inexistente entre 3600 a 4000 msnm (Egúsqiza y Apaza, 2001).

A causa del cambio climático que viene produciéndose en los últimos años, el tizón tardío ha ocasionado la destrucción completa de campos de papa incluso sobre los 3800 hasta los 4200 metros de altitud (Pérez, 2017).

Tabla 4: Calendario de siembras, cosechas y condiciones meteorológicas en los meses de cultivo de papa en las regiones productoras del Perú, tomado de Egúsqiza y Apaza (2001).

REGIONES PRODUCTORAS DE PAPA	ALTITUD (m.s.n.m.)	SUPERFICIE SEMBRADA (%)	MESES		CONDICIONES METEOROLÓGICAS		
			SIEMBRA	COSECHA	Temperatura	Precipitación	HR
					Min-Max	(mm)	%
Costa	0 – 500	04 – 05	Mayo a Julio	Agosto a Noviembre	11 – 20	2 – 20	95
Sierra media	500 – 3000	15 – 20	Agosto a Septiembre	Diciembre a Febrero	8 – 24	100 – 600	60
Sierra alta	3000 – 4000	75 – 80	Octubre a Diciembre	Marzo a Julio	5 – 20	400 – 800	70

En conclusión, el 42% del área utilizada para la producción Peruana de papa presenta alto o muy alto riesgo de ser afectada por *Phytophthora infestans* (Tabla 5). Es decir, aproximadamente la mitad de la extensión geográfica consignada al cultivo de la papa requiere del uso de fungicidas para obtener un rendimiento económicamente rentable.

Tabla 5: Estimaciones sobre la superficie cultivada con papa (ha) en la que incide *Phytophthora infestans* en los departamentos productores de papa del Perú, tomado de Egúsqiza y Apaza, (2001).

Departamento	Superficie (ha) III Censo Agropecuario	Nivel de incidencia de rancho y área (ha) afectada				Fuente
		Muy baja	Baja	Alta	Muy alta	
Cajamarca	29 733	0	6 735	12 810	10 188	Cabrera H.H., INIA-Cajamarca
Amazonas	2 650	0	343	1 000	1 247	Roncal, O.E., INIA-Cajamarca
La Libertad	28 010	225	1 872	11 161	14 857	Llantop, J., UPAO-Trujillo
Ancash	29 630	2 669	23 692	3 359	0	López, P.F., SENASA Ancash
Huánuco	30 562	325	12 465	12 838	4 934	Mendoza, A.A., Proyecto PRA
Lima	10 489	4 201	6 492	1 346	0	Egúsqiza, B.R., UNALM
Junín	37 738	1 188	16 557	19 532	8 461	Zúñiga, L.N., INIA-Huancayo
Ica	1 822	1 490	332	0	0	Egúsqiza, B.R., UNALM
Huancavelica	33 233	6 220	14 502	11 412	2 099	Zúñiga, L.N., INIA-Huancayo
Ayacucho	8 509	2 165	2 945	2 168	1 641	Villalobos, P.A., INIA Ayacucho
Apurímac	9 646 ^(*)	1 169	7 838	530	0	Talpa, D.C., ADEX-USAID
Arequipa	5 325	650	3 745	930	0	Jordan, O.G., SENASA
Puno	33 200 ^(**)	33 200	4 500	0	0	Arce, R.J., INIA-Puno
Moquegua	900	280	620	0	0	Jordan, O.G., SENASA
Tarma	1 075	141	935	0	0	Jordan, O.G., SENASA
Totales ha	267 729	52 030	102 333	71 245	41 227	
%	100	19,8	38,2	26,7	15,3	

(*) Incidencia de rancho: Muy baja (se presenta en forma muy ocasional); Baja (Requiere 2 a 4 aplicaciones); Alta (Requiere 6 a 8 aplicaciones); Muy alta (Requiere más de 10 aplicaciones)
 (**) Considera solamente las provincias de Arehuaylas y Chiriquico
 (***) Superficie departamental "redondeada".

1.2.1.5.1. SINTOMATOLOGÍA

La lesión se manifiesta inicialmente como una decoloración verde pálida en el haz del foliolo, luego se torna marrón y por último el tejido necrosa y se extiende circular y excéntricamente sin limitarse por las nervaduras; mientras en el envés se observa la formación de un mildiu blanquecino compuesto de micelio que, en condiciones de alta humedad, se especializa en Esporangióforos. En dos semanas el follaje muere. En el tallo las lesiones son oscuras, continuas y quebradizas (Figura 4). En los tubérculos las depresiones superficiales son irregulares, de consistencia dura, el tejido afectado es marrón, la lesión avanza de la periferia hacia la médula (Pérez & Forbes, 2008).

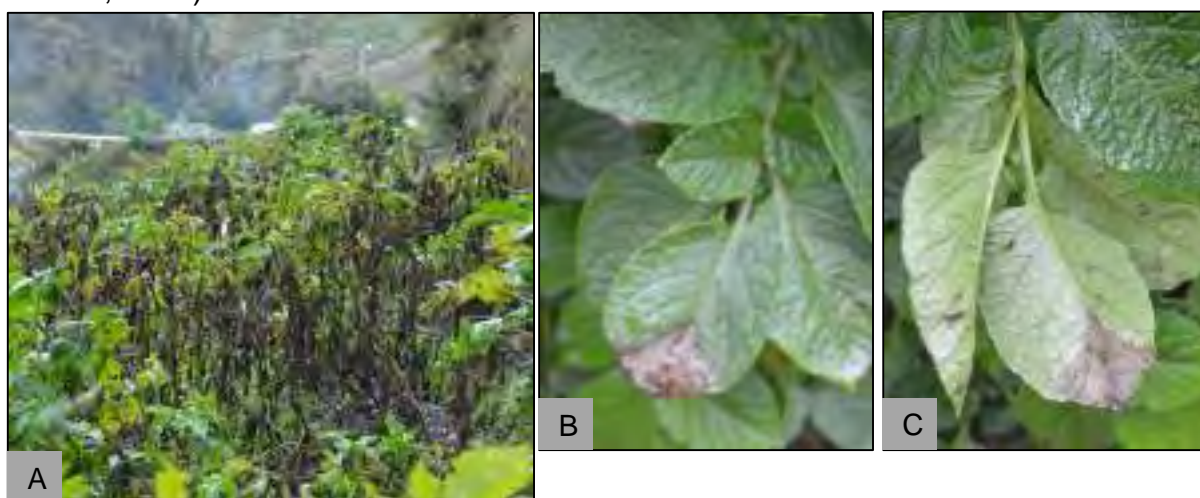


Figura 4: A: Sintomatología del tizón tardío en campo de cultivo. B: Haz y C: Envés del foliolo infectado. Fotografías de Almendra Astete.

1.2.1.5.2. EPIDEMIOLOGÍA

En zonas en las que no se da la reproducción sexual, el patógeno subsiste entre una campaña y otra manteniéndose como micelio en los tubérculos cosechados y guardados (aparentemente sanos), y/o rastrojos infectados que quedan en campo o sin cosechar tras la destrucción del cultivo por la enfermedad (Torres, 2002).

El micelio crece bajo temperatura y humedad propicias, genera esporangios, se convierte en el foco de infección a partir del cual estos últimos se dispersan por el viento y la niebla, liberan las zoosporas y estas penetran el tejido vegetal entre 10 °C y 29 °C, y el progreso de la enfermedad se acelera a 21°C (Torres, 2002).

Este hecho es conocido empíricamente por el agricultor, pues es consciente de que tras una mañana lluviosa y una posterior tarde soleada se generan las circunstancias que predisponen al cultivo de papa a la infección y establecimiento de *P. infestans* y, por consiguiente, a la generación del tizón tardío (Torres, 2002).

Los esporangios también son capaces de subsistir más de 7 días en la tierra bajo condiciones de humedad mientras bajo helamiento o sequedad no sobreviven (Pérez & Forbes, 2008).

En el caso de que haya reproducción sexual, las oosporas se mantienen latentes y viables durante 2 años (Torres, 2002).

1.2.2. *Phytophthora infestans* (Mont.) de Bary

1.2.2.1. TAXONOMÍA

P. infestans (Mont.) de Bary es el organismo responsable del tizón tardío de la papa, fue descrito inicialmente como *Botrytis infestans* por Montagne en 1845, y luego en 1867 fue identificado como *Phytophthora infestans* según Antón de Bary (Erwin & Ribeiro, 1996).

Su nombre proviene de los términos griegos Phyto = planta y Phthora = destructor, pertenece a la Clase Oomicetes que corresponde al Reino Cromista, y es filogenéticamente cercano a las diatomeas y algas pardas (Pérez & Forbes, 2008).

Tabla 6: Clasificación taxonómica de *P. infestans*, adaptado de Pérez y Forbes (2008) y Ruggiero et al. (2015).

REINO	Chromista
SUPERPHYLUM	Heterokonta = Stramenopiles
PHYLUM	Pseudofungi = Oomycota
CLASE	Oomycetes
SUBCLASE	Peronosporidae
ORDEN	Pythiales
FAMILIA	Pythiaceae
GÉNERO	<i>Phytophthora</i>
ESPECIE	<i>Phytophthora infestans</i> (Mont.) de Bary, 1876

El Reino Chromista (Figura 5), hermano del Reino Plantae, posiblemente fue originado por la doble esclavitud sinérgica interna de células de algas verdes y rojas. Está compuesto por 10 phylum, siendo el segundo reino más diverso después de Animalia. Entre los grupos que comprende, se encuentra el superphylum Heterokonta (Supergrupo Stramenophyle) que agrupa organismos los cuales, en alguna etapa de su vida, presentan dos flagelos de diferente tamaño (Cavalier-Smith, 2010).

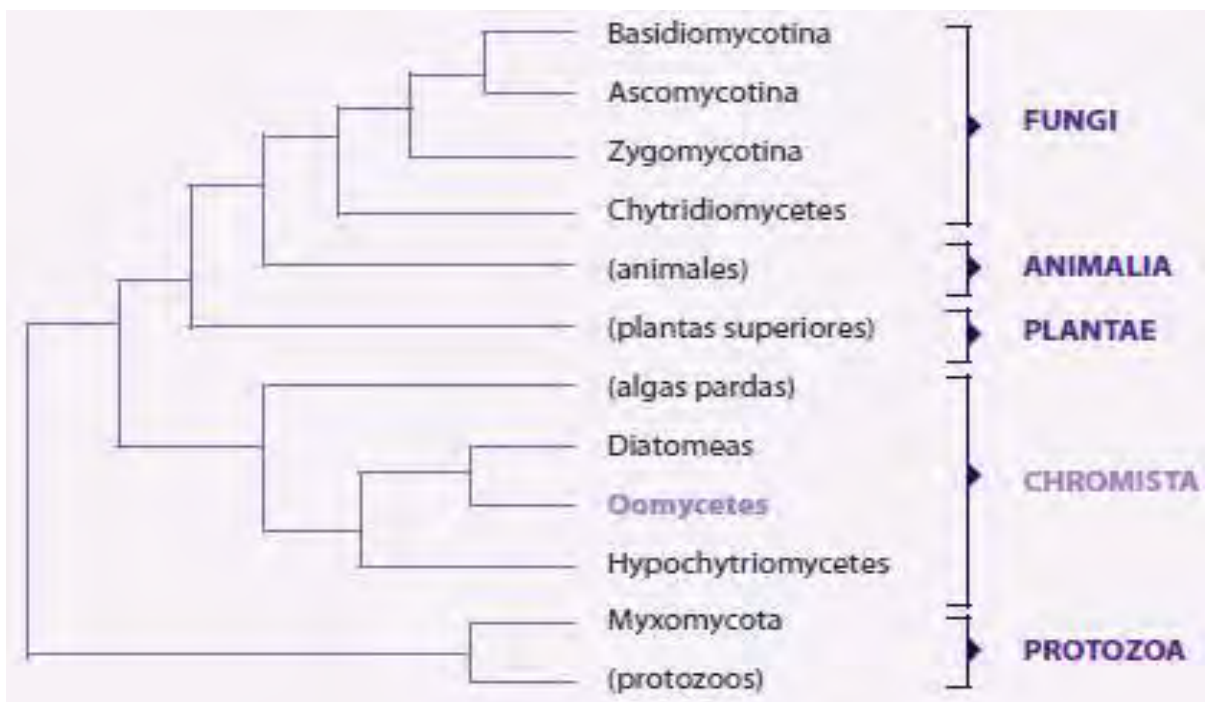


Figura 5. Relaciones Filogenéticas entre los cinco Reinos Eucariotas, adaptado de Cavalier-Smith (2004).

El Phylum Pseudofungi u Oomycota comprende organismos heterótrofos, capaces de formar filamentos miceliales, que presentan zoosporas biflageladas y poseen gametos definidos. Debido a su heterogamia, los Oomycetes realizan su reproducción sexual mediante la unión de los gametangios femenino (oogonio) y masculino (anteridio), en los cuales ocurre la meiosis antes de la fertilización (Sansome, 1965).

Respecto a su ultraestructura celular, las crestas mitocondriales y tubulares, así como la pared celular, están compuestas de polímeros de β -1,3-glucano, β -1,6-glucano y β -1,4-glucano (Celulosa) e hidroxiprolina, componentes inusuales en la pared celular fúngica (Erwin & Ribeiro, 1996). La carencia de hipoxilación del escualeno a esteroides, la elaboración de Lisina mediante la ruta del Ácido Diaminopimelico, entre otras peculiaridades en las vías metabólicas (Bartnicki-Garcia (1970), citado por Erwin & Ribeiro, 1996), así como la existencia de polisacáridos de reserva distintos del Glicógeno; los diferencian de los hongos (Bartnicki-Garcia & Wang, 1983).

Así mismo, los análisis moleculares de ADN ribosomal (Forster, Coffey, Elwood, & Sogin, 1990; y Thomas Cavalier-Smith & Chao, 2006), y los estudios genéticos (Richards, Dacks, Jenkinson, Thornton & Talbot, 2006) sugieren que los oomycetes han coevolucionado a partir de líneas diferentes de hongos superiores (Pérez & Forbes, 2008).

La subclase Peronosporidae, agrupa oomycetes que forman zoosporas nadadoras, presentan talo vegetativo holocárpico o heterocárpico, y no realizan gemación como medio de reproducción asexual. Implícito en este grupo, se encuentra el Orden Pythiales, los organismos que lo componen son capaces de germinar a partir del esporangio y de las zoosporas y forman hifas inter e intracelulares, éstas últimas producen haustorios (Ibtihal Muiz, s. f.).

Dentro de la familia Phythiaceae, se encuentra el género *Phytophthora*. Los miembros de este género son organismos auxótrofos que requieren fuentes exógenas de β -hidroxi-esteroides para su esporulación y tiamina para su crecimiento, y presentan polisacáridos hidrosolubles llamados Micolaminarinas como carbohidratos de reserva de energía. La arquitectura y textura de su pared celular sufre cambios drásticos durante el ciclo de vida, desde ser una cubierta delgada de microfibrillas durante la fase quística hasta convertirse en una pared de doble textura (microfibrillar interna y

granular externa) en estado hifal que se vuelve mucho más densa en el esporangio, clamidosporas y oosporas (Bartnicki-Garcia & Wang, 1983).

Las especies del género *Phytophthora* se distinguen morfológicamente por presentar crecimiento hifal, el esporangio papilado, de forma ovoide (obpiriforme y en ocasiones globoso) de posición terminal, persistente o caduco, en el cual se forman zoosporas biflageladas. La oospora (plerótica o aplerótica) es producto de la unión de los órganos sexuales, el anteridio anfigineo o paragineo, con el oogonio de paredes pigmentadas lisas u ornamentadas. También son capaces de formar clamidosporas (Erwin & Ribeiro, 1996). Este género posee más de 100 especies, las cuales han sido agrupadas en 10 clados utilizando cuatro loci mitocondriales (*cox2*, *nad*, *rps10* y *secY*), En el Clado 1, subgrupo c (Figura 6), se encuentra *P. infestans* relacionada a *P. andina*, *P. ipomoeae*, *P. mirabilis* y *P. phaseoli* (Blair et al., 2008).

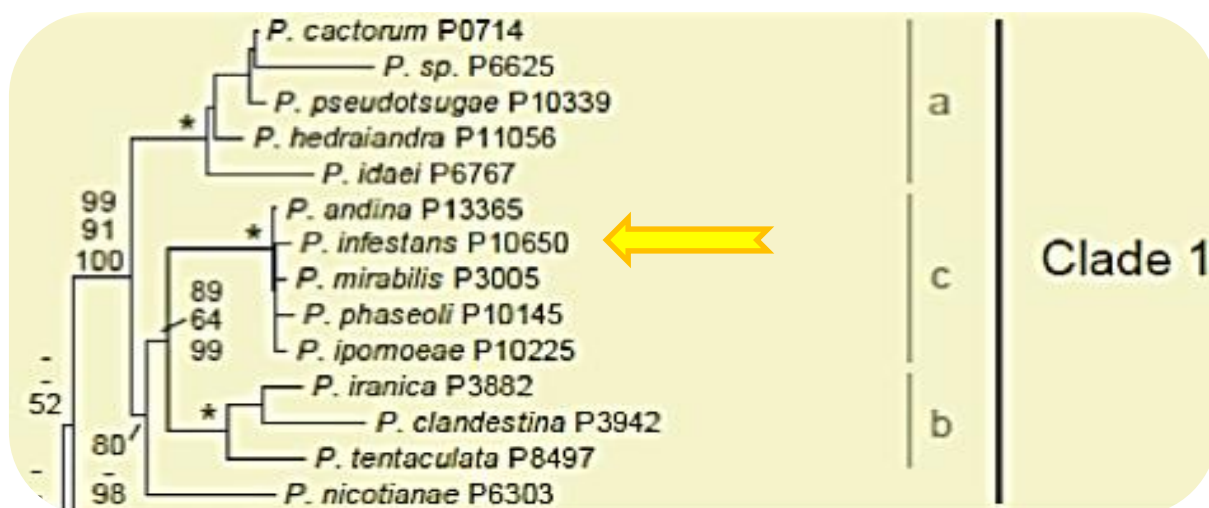


Figura 6: Ubicación filogenética de *P. infestans* respecto a las especies del género *Phytophthora* pertenecientes al clado 1, subgrupo c. Tomado de *Phytophthora* DATABASE, adaptado de Blair et al. (2008).

1.2.2.2. MORFOLOGÍA

Erwin y Ribeiro (1996) describen que el micelio es cenocítico, los esporangios son ovoides, elipsoides o limoniformes, con el ápice semipapilado, ahusados basalmente, caducos, con un pedicelo menor a 3mm, miden entre 36 x 22 μ m a 29 x 19 μ m; el esporangióforo es de crecimiento continuo, con un fragmento inferior hinchado debajo, y su ramificación es simpodial (Figura 7). Pérez y Forbes (2008) indican que dentro del esporangio se forman las zoosporas hialinas, limoniformes y biflageladas, es decir, un flagelo es largo en forma de látigo, mientras el otro es de menor tamaño y presenta pelos distribuidos en dos filas laterales en el extremo.

Erwin y Ribeiro (1996) señalan que el anteridio es elongado, anfigíneo (rodea el oogonio basalmente), mide aproximadamente $17 \times 16 \mu\text{m}$; el oogonio es globoso, mide entre 31 a $50 \mu\text{m}$ ($38 \mu\text{m}$ en promedio); las oosporas formadas en la superficie foliar son apleróticas (la oospora no llena la cavidad del oogonio) y presentan una pared gruesa de $3.5 \mu\text{m}$, el diámetro mide entre $24 - 35 \mu\text{m}$ ($30 \mu\text{m}$ en promedio), mientras en medio de cultivo varía entre $24 - 56 \mu\text{m}$ (Figura 8).

No hay reportes sobre hinchamientos hifales. Las clamidosporas se han reportado en Rusia tras la incubación en medio de cultivo, a $9 - 10 \text{ }^\circ\text{C}$ durante 4 a 9 meses

(Patrikeyeva, 1979; citado por Erwin y Ribeiro,

1996). En aislamiento colectados en Cusco, Perú; incubados en medio de cultivo V8 durante 15 días a $18 \text{ }^\circ\text{C}$, se apreciaron estructuras semejantes a clamidosporas (Coca, 1998).



Figura 7: A: Esporangio con zoosporas. B: Esporangios contenidos en el esporangióforo. Fotografías de A. Astete.

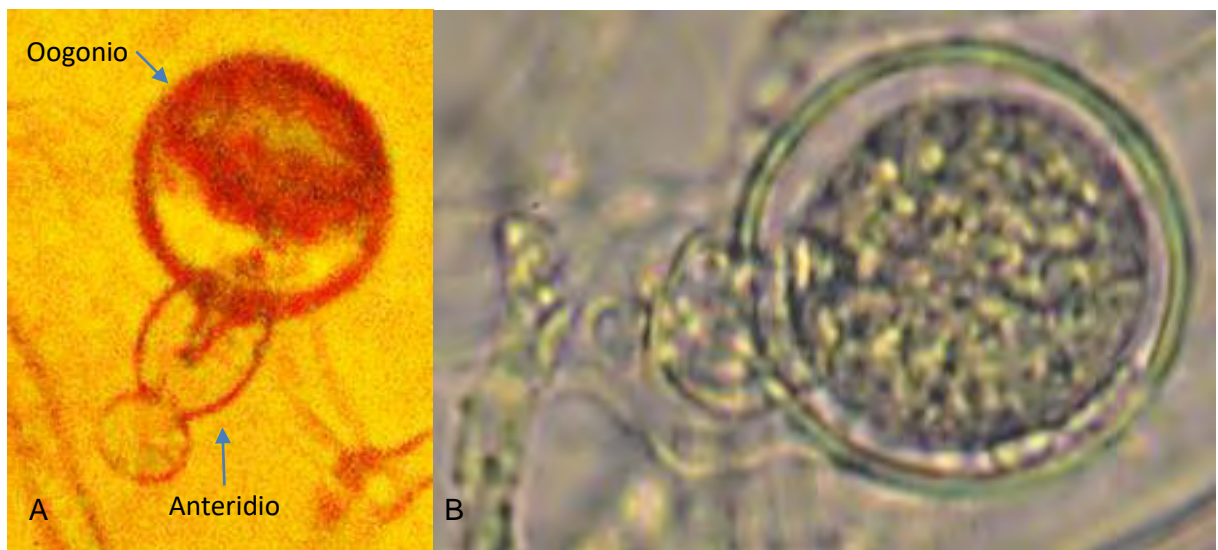


Figura 8: Estructuras de reproducción sexual. A: Anteridio y oogonio. B: Oospora. Fotografías: A. Astete.

1.2.2.3. CICLO DE VIDA

1.2.2.3.1. CICLO SEXUAL

P. infestans es un organismo heterotálico que requiere de la coexistencia espacio temporal de los dos tipos de apareamiento (A1 y A2) para realizar la reproducción sexual (Figura 9), pues la diferencia entre estos no reside en el dimorfismo sexual sino en la producción y respuesta hormonal, es así que los individuos de ambos tipos presentan estructuras reproductivas masculinas y femeninas en el mismo individuo pero son autoincompatibles por lo que necesitan del estímulo hormonal proveniente de un individuo de tipo del apareamiento opuesto para la formación de oosporas; es decir, aislamientos predominantemente “masculinos” generan más anteridios que oogonios mientras los que son eminentemente “femeninos” producen más oogonios que anteridios, finalmente algunos aislamientos exhiben predisposición equitativas (Pérez & Forbes, 2008).

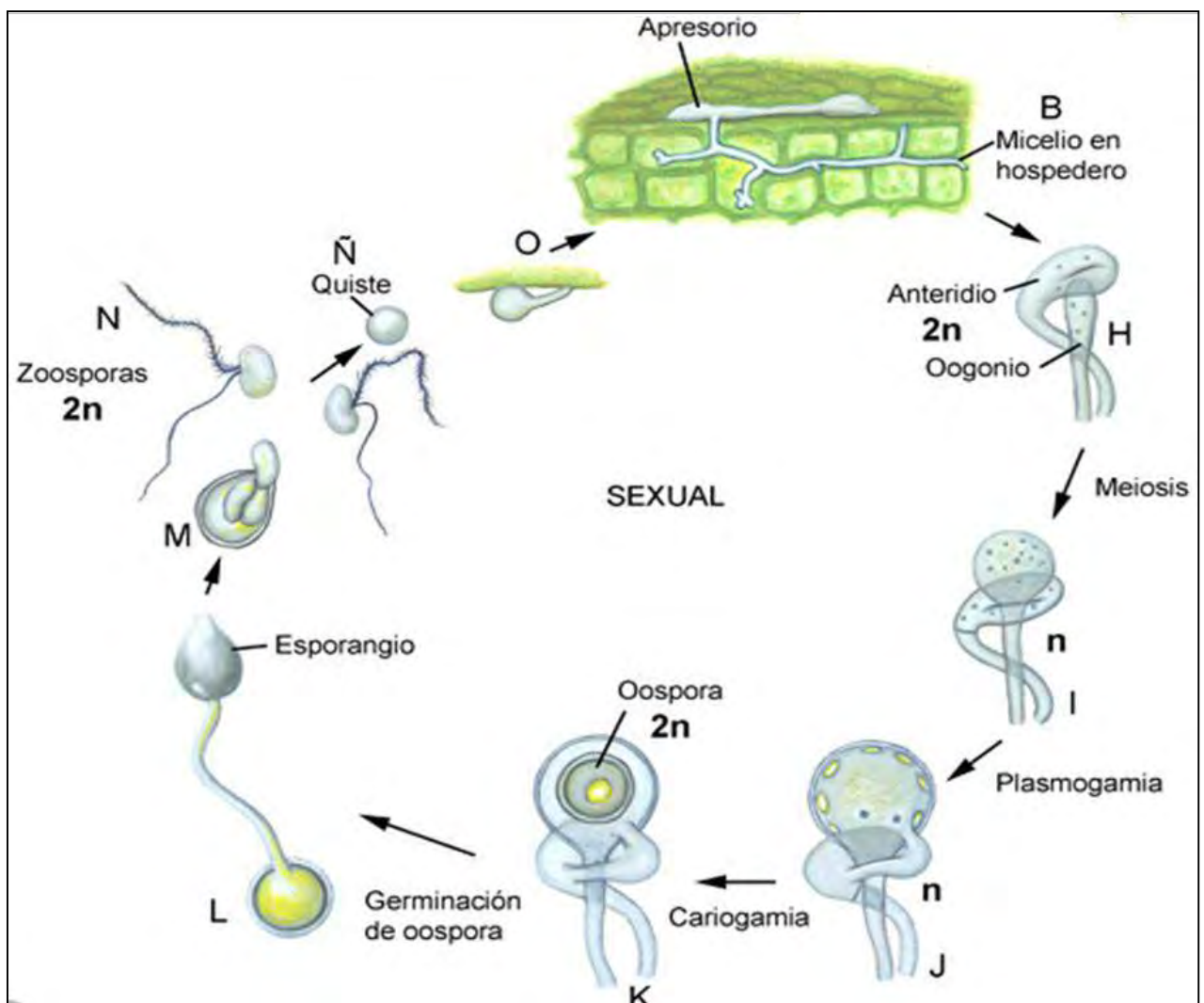


Figura 9: Ciclo sexual de *Phytophthora infestans*, tomado de Hulloa (2015).

La fase de reproducción sexual (Figura 9) comprende la formación del oogonio y anteridio diploides (H), en ambos gametangios se produce la meiosis dando lugar a la única fase haploide de *P. infestans* a lo largo de todo su ciclo de vida. La hifa oogonial haploide (I) crece a través del anteridio mientras éste desarrolla un tubo de fertilización mediante el cual atravesará un núcleo masculino haploide durante la plasmogamia (J). La cariogamia se produce entre los dos núcleos haploides para constituir la oospora diploide uninucleada (K), capaz de sobrevivir condiciones ambientales adversas en periodo de latencia. Al germinar (L) produce un esporangio diploide (M) cuyas zoosporas diploides (N) se adhieren a la superficie foliar para forman quistes (Ñ), perder los flagelos y emitir el apresorio para continuar el ciclo de infección en el hospedero (Hulloa, 2015).

1.2.2.3.2. CICLO ASEXUAL

La reproducción vegetativa (Figura 10) inicia con el crecimiento del micelio que conlleva la formación de los esporangios (C), la cual es más rápida a HR de 100% y 21 °C. Una vez maduros (D), son transportados por el viento, la neblina, el rocío y/o la lluvia hasta las hojas, axilas caulinares, y tubérculos. Si la HR en el ambiente permanece elevada, y la temperatura oscila entre 20 – 24 °C (óptimo 24 °C), los esporangios emiten un tubo germinativo y produce una infección más limitada y menos violenta que por zoosporas (Torres, 2002).

Dentro del esporangio se forman hasta 20 zoosporas uninucleadas. En condiciones ambientales favorables (12 – 15 °C, HR 95 – 100 %) la pared esporangial se rompe a nivel de las papilas (E) y libera las zoosporas (F), éstas se mueven en una capa de agua hasta llegar a una superficie foliar sólida donde pierden los flagelos y sobre la cual se enquistan (Torres, 2002).

La enfermedad inicia cuando el patógeno penetra el tejido vegetal entre 10 °C a 29 °C, y se acelera a 21 °C (Torres, 2002). El quiste (G) puede desarrollar apresorios para que la hifa de penetración (A) ingrese tempranamente por la cutícula foliar, o emitir el tubo germinativo para penetrar por los estomas y/o las lenticelas de la hoja o tubérculo respectivamente; cuando ha ingresado en el tejido vegetal (B), el micelio se desarrolla intracelularmente estableciendo haustorios (C) para extraer nutrientes del protoplasma causando la muerte celular, ocasionalmente también se forman haustorios intercelulares (Pérez & Forbes, 2008).

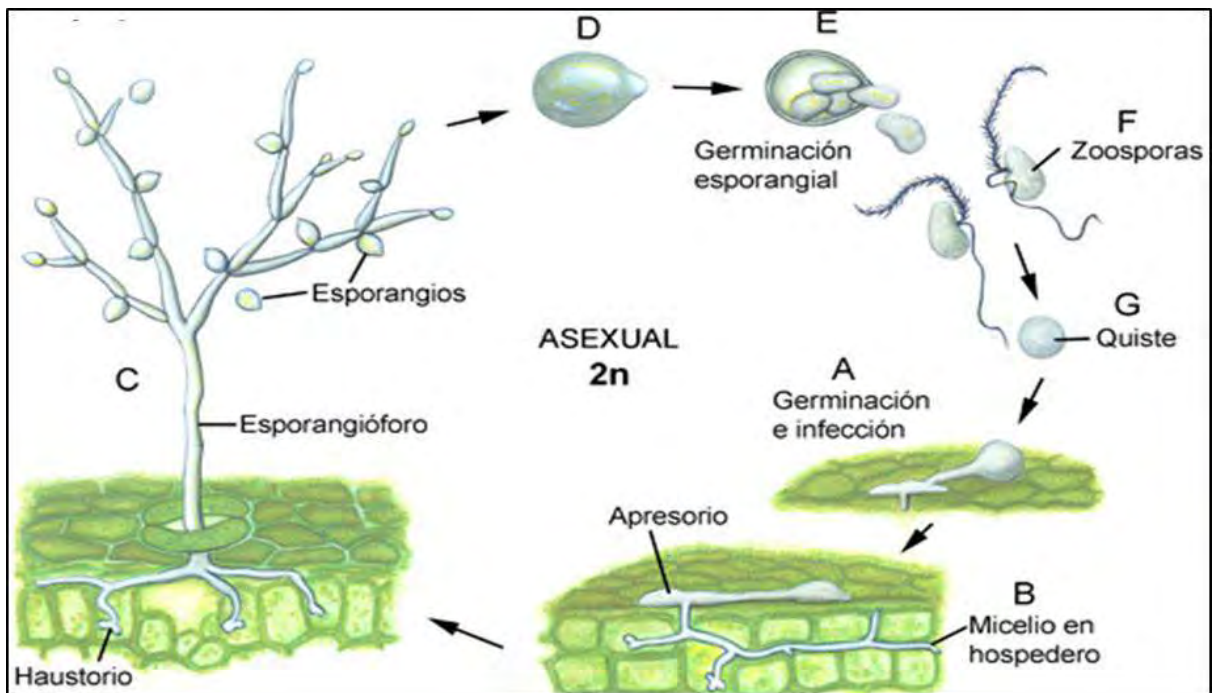


Figura 10: Ciclo asexual de *Phytophthora infestans*, tomado de Hulloa (2015).

1.2.2.4. GENOMA

1.2.2.4.1. GENOMA NUCLEAR

El secuenciamiento del genoma es crucial para comprender el éxito patogénico. La secuencia del genoma de *P. infestans* mide aproximadamente 240 megabases (Mb) y es notablemente más grande que el de otras especies relacionadas (Figura 11). Contiene un alto nivel de ADN repetitivo (74%) y presenta una distribución inusual de genes que se correlaciona intrínsecamente con su biología y sustenta su potencial evolutivo. Está compuesto de regiones densas con orden de genes conservado que representan el 70%, y está separado o intercalado por regiones expandidas en las que no se conserva el orden de genes (Haas et al., 2009).

En la región conservada la densidad de genes es relativamente alta debido a un estrecho espaciado entre ellos (distancia intergénica = 603 pb) generado por una mayor densidad de elementos repetitivos y, a su vez, este contenido repetitivo es alto. En contraste, en la región no conservada la densidad de genes es baja (distancia intergénica = 3,7 Kb) debido a que los elementos repetitivos están expandidos y escasamente poblados de genes. En esta región se localizan familias específicas de genes de rápida evolución a partir de los cuales se sintetizan proteínas efectoras implicadas en la patogénesis, incluyendo genes inducidos durante la infección o que tienen la capacidad de alterar la fisiología de la planta hospedera. Ya que esta región

se caracteriza por ser muy dinámica, promueve la plasticidad evolutiva de los genes efectores, generando la variación genética mejorada requerida para conducir la evasión rápida de la resistencia de las plantas desafiando estrategias de control como los cultivares genéticamente resistentes (Haas et al., 2009).

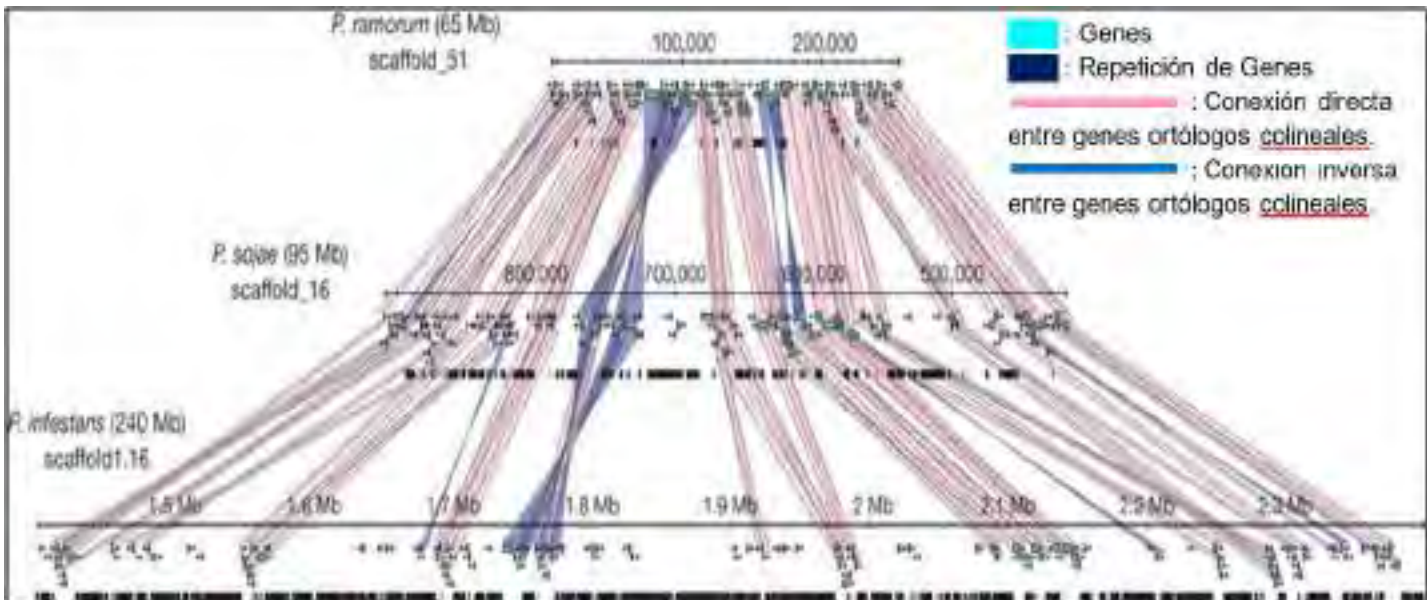


Figura 11: La expansión de regiones de genes conservados del genoma de *Phytophthora infestans* en comparación con *P. sojae* y *P. ramorum*, tomado de Haas et al. (2009).

1.2.2.4.2. GENOMA MITOCONDRIAL

El ADN mitocondrial de *P. infestans* es circular, extremadamente compacto, compuesto de 37 957 bp, rico en su contenido de A+T (76%), no posee intrones, y más del 95% del genoma es codificante. Posee genes que no se observan en hongos ni animales: Tres subunidades del complejo NADH deshidrogenasa (*nad7*, *nad9* y *nad11*), genes de proteínas ribosomales de once subunidades pequeñas y cinco subunidades grandes (*rps* y *rpl*), el gen codificador de la subunidad ATPasa-alpha (*atp1*), y un marco de lectura mitocondrial conservado encontrado en varias plantas y protistas también (*orf248*), entre otros genes.

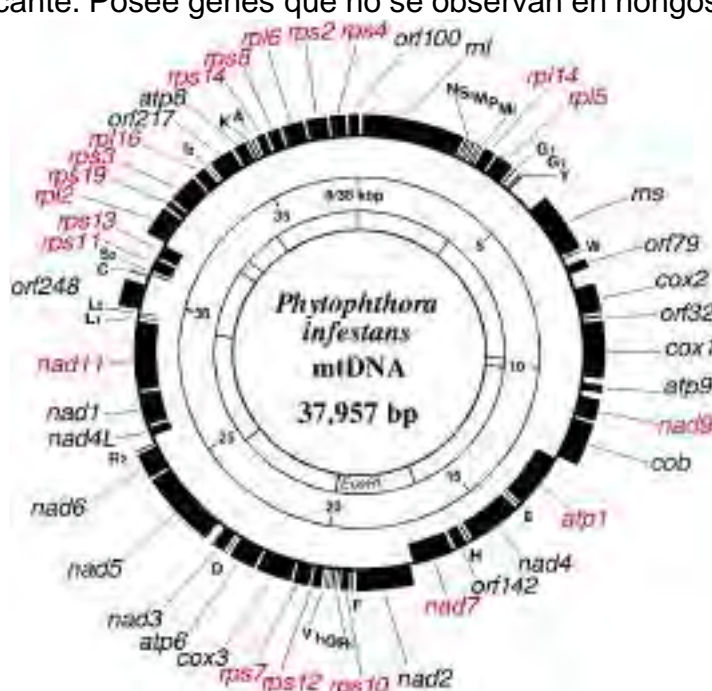


Figura 12: ADN mitocondrial de *P. infestans*.

En la Figura 12 el círculo interno muestra un mapa de restricción EcoRI, en el círculo externo se muestran los genes como casillas rellenas hacia afuera (se transcriben en sentido horario) y hacia adentro (se transcriben en sentido antihorario), las regiones amarillas indican superposiciones entre los genes, los genes en rojo son aquellos que no se encuentran en el ADN mitocondrial fúngico, por último se indican las instancias donde se utilizan dos isoaceptores de ARNt: S1, tRNASer (GCU); S2, tRNASer (UGA); G1, tRNAGly (GCC); G2, tRNAGly (UCC); R1, tRNAArg (GCG); R2, tRNAArg (UCU); I1, tRNAIle (GAU); I2, tRNAIle (CAU); L1, tRNALeu (UAG); L2, tRNALeu (UAA) (Paquin et al., 1997).

1.2.2.5. ORIGEN Y EVOLUCIÓN

El primer genotipo registrado, HERB-1, fue dominante en Europa y Norte América entre 1845 y 1896, y fue responsable de la Gran Hambruna Irlandesa (Yoshida et al., 2013). Se creía totalmente extinto ya que fue estudiado a partir de ejemplares de herbario colectados durante mencionada catástrofe, sin embargo Martin et al. (2014) detectó este linaje en dos aislamientos provenientes de México y uno de Ecuador sugiriendo un posible origen Centro o Suramericano para *P. infestans*.

Seguidamente, Martin et al. (2015) demostró mediante el análisis de genomas mitocondriales que los linajes basales del genoma nuclear a partir del cual las poblaciones modernas de *P. infestans* se habrían diversificado, consisten exclusivamente en muestras colectadas fuera de México; por último, el haplotipo de ADN nuclear basal más parecido al de *P. infestans* sobrevive dentro de *P. andina*, especie reportada únicamente en los Andes Peruanos y Ecuatorianos sugiriendo finalmente un origen Sudamericano para *P. infestans* (Figura 13). Esta conclusión es respaldada por observaciones previas de que ambos linajes tuvieron su origen en eventos de hibridación en los que el donante del ADN mitocondrial era alguna especie desconocida del clado 1c (Lassiter et al., 2015).

Posteriormente, el HERB-1 fue reemplazado por su pariente cercano US-1 de tipo de apareamiento A1, el cual emergió en Norte América; se supone que ambos habrían evolucionado a partir de un ancestro en común cuya metapoblación se habría establecido en los primeros años del siglo XIX (Yoshida et al., 2013). El linaje US-1 fue dominante alrededor del mundo durante el siglo veinte por encima de nuevos linajes clonales que aparecieron con el tiempo, como EC-1 y otros (Goodwin et al., 1994).

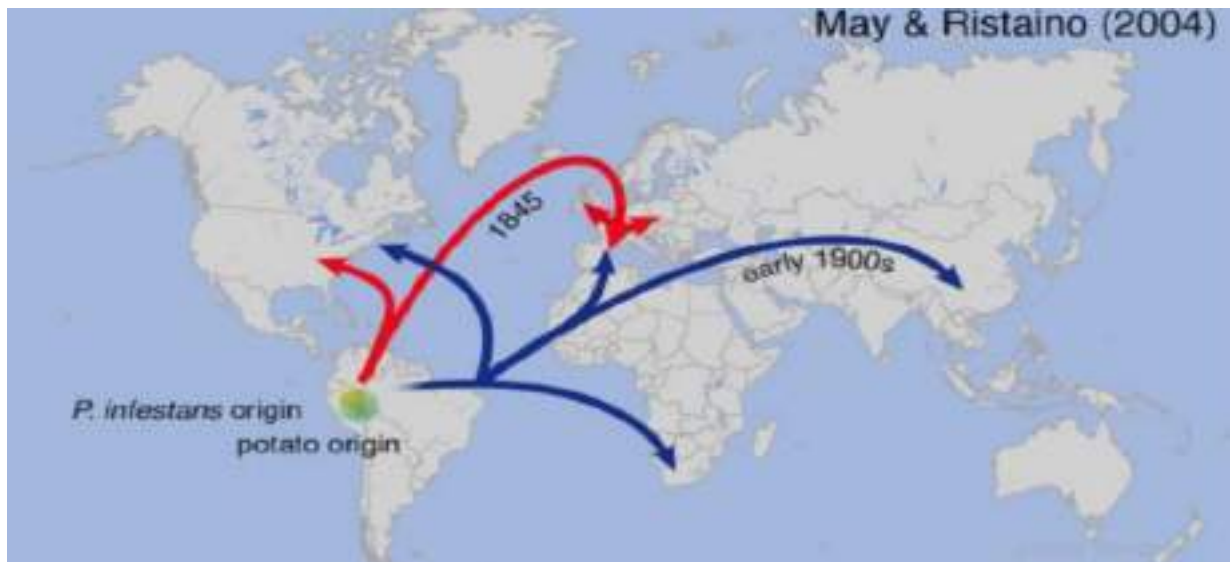


Figura 13: Ruta de migración de *Phytophthora infestans* propuesta por May y Ristaino (2004), tomado de Yoshida et al. (2014).

En los últimos años US-1 ha sido desplazado por linajes clonales más agresivos de tipo de apareamiento A2 como US-22 en Norte América (Hu et al., 2012), 13_A2 en Europa y Asia (Li et al., 2015).

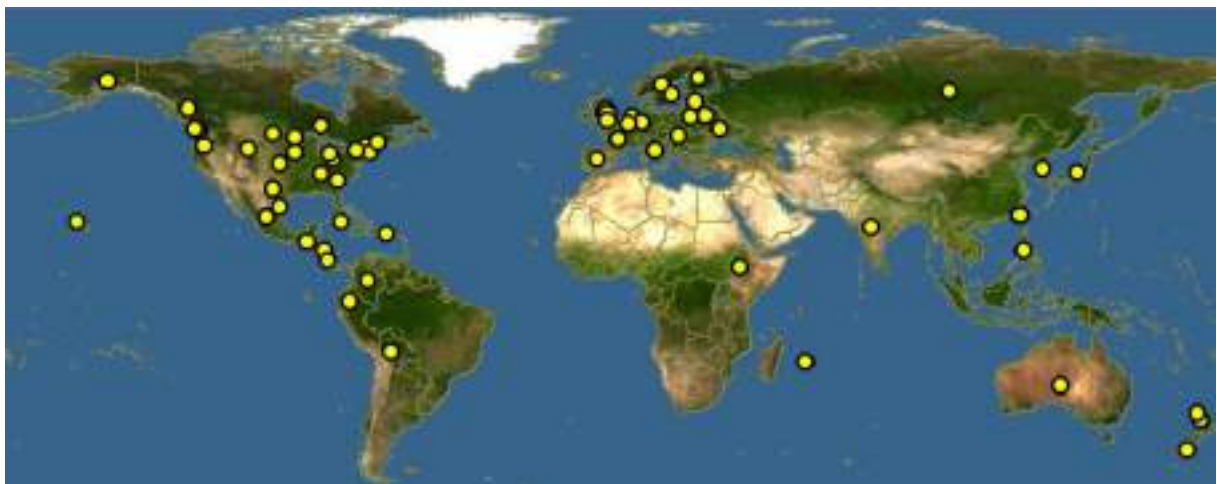


Figura 14: Distribución mundial de *Phytophthora infestans*, tomado de www.discoverlife.org.

En el caso particular de América del Sur, actualmente destaca el linaje clonal EC-1 de tipo de apareamiento A1 y haplotipo mitocondrial *Ila* que se ha reportado en Ecuador (Delgado et al, 2013) y Colombia (Vargas et al., 2009; Chaves et al, 2018).

Se sabe que HERB-1 es diploide (Yoshida et al., 2013) y de haplotipo mitocondrial único relacionado ancestralmente en mayor porcentaje al mtADN *Ia* (Martin et al., 2014) pero aún es incierta la forma en que se generaron linajes triploides, podría haber obedecido a un proceso de selección por parte de los genes de resistencia que se incorporaron a los cultivos mejorados, o como consecuencia del uso de pesticidas usados en un intento de control químico del tizón tardío.

1.2.3. BIOLOGÍA POBLACIONAL DE PATÓGENOS

El entendimiento de los procesos biológicos que afectan a la población de un patógeno son primordiales para idear métodos de control. La epidemiología de una enfermedad vegetal y la genética de poblaciones del patógeno que la causa son subconjuntos diferentes de la biología poblacional, pero están interrelacionados por los siguientes factores (Figura 15): 1) Distancia de dispersión de propágulo, importante para medir la carga inicial del inóculo y el flujo génico y de genotipos; 2) Periodo de latencia del inóculo, que influye en el desarrollo de la enfermedad y es una medida de aptitud patogénica; 3) Tamaño de la población, que afecta en la incidencia de la enfermedad y el grado de deriva genética; y 4) Tiempo, para completar el ciclo de vida y evolucionar (McDonald, 2004).

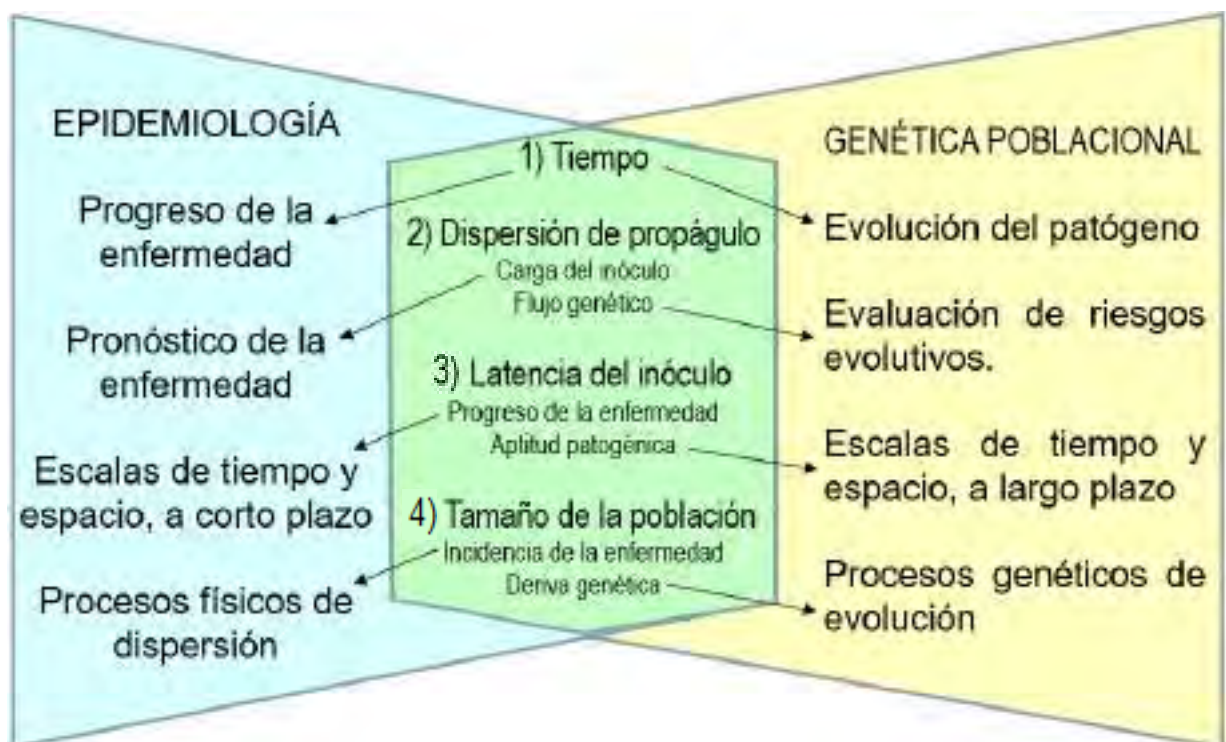


Figura 15: Interrelación entre la Epidemiología y la Genética de poblaciones, adaptado de McDonald (2004).

1.2.3.1. GENÉTICA POBLACIONAL

El objetivo de la genética poblacional es describir y cuantificar la variación genética en las poblaciones y utilizar dicha información con el objetivo de deducir las fuerzas evolutivas que conducen al cambio de la frecuencia genética en las poblaciones y dan forma a su estructura genética a través del tiempo y el espacio (McDonald, 2004).

McDonald y Linde (2002) definen la estructura genética como la cantidad de variación genética y su distribución dentro y entre poblaciones, como resultado de las interacciones entre las fuerzas que interactúan en la evolución de la población y está determinada por su historia evolutiva; en consecuencia, el conocimiento de la estructura genética nos da una idea de los procesos evolutivos que dieron forma a una población en el pasado y de su potencial evolutivo en el futuro.

Hay dos tipos de diversidad genética que contribuyen a la estructura genética:

Por un lado, la diversidad génica se refiere al número y frecuencias de alelos en loci individuales (genes) en una población, la diversidad génica se incrementa a medida que el número de alelos aumenta y la frecuencia relativa de esos alelos se asemeja. El proceso mediante el cual estos alelos particulares son intercambiados entre poblaciones geográficamente separadas se conoce como flujo génico.

Por otro lado, la diversidad genotípica se refiere al número y frecuencia de genotipos multilocus (genotipos), o individuos genéticamente individuales, en una población. Es un concepto importante en el caso de patógenos vegetales que poseen un componente significativo de reproducción asexual en su historia de vida. En el caso de organismos estrictamente asexuales no se recombinan genes, por lo que el intercambio entre poblaciones geográficamente separadas se da entre genotipos enteros o individuos, a este proceso se le conoce como flujo genotípico.

Debido a que *P. infestans* es capaz de reproducirse asexualmente, muchas de las poblaciones emergentes y reemergentes que causan epidemias se generan de forma clonal. Así dan lugar a los linajes clonales que consisten en individuos que comparten un genotipo pero acumulan mutaciones mientras se diversifican a lo largo del tiempo y el espacio; conduciendo a una divergencia clonal gradual (Knaus, Tabima, Davis, Judelson & Grünwald, 2016). Es así que cuando el genotipo multilocus de un individuo reciente coincide con el genotipo de otro ya caracterizado, se puede asumir que posea las mismas características fenotípicas (Saville et al. 2015); sin embargo esta correlación no es absoluta debido a las diferentes fuerzas evolutivas que accionan sobre la población del patógeno.

1.2.3.2. FUERZAS EVOLUTIVAS

Cuando un patógeno ataca una planta, el progreso de la enfermedad se hace posible debido a que el patógeno posee uno o más genes de patogenicidad, especificidad y/o virulencia contra un hospedero en particular. Cuando un nuevo gen de resistencia a un patógeno aparece o es introducido en una planta, esta se vuelve resistente a todos o muchos de los individuos existentes del patógeno. Tal patógeno contiene uno o más genes de virulencia pero si no posee el nuevo gen adicional requerido para vencer el efecto del nuevo gen de resistencia, no podrá infectar la planta y esta continuará siendo resistente. Por lo tanto, un nuevo gen para resistencia a un patógeno puede proteger a las plantas que lo poseen de infectarse por todas o la mayoría de las razas preexistentes del patógeno, al menos durante varios meses y posiblemente durante varios años (Agrios, 2005).

Después de que una variedad de planta con el gen resistente es cultivada en el campo, aparece una nueva raza del patógeno que contiene un nuevo gen de virulencia que le permite atacar al cultivo hasta entonces resistente. El gen de virulencia pudo haberse originado por mutación en algunos individuos, por la reorganización de su material genético a través de los eventos evolutivos generadores de variabilidad genética, o pudo estar presente anteriormente en frecuencias bajas o incluso indetectables de individuos que, en presencia del cultivo hasta entonces resistente, se multiplicaron y asumieron el control en lugar de aquellos individuos que carecen de dicho gen (Agrios, 2005).

En los organismos de reproducción sexual, los individuos de la progenie son diferentes de los progenitores y entre sí en gran cantidad de características pero mantienen ciertos rasgos de similitud, mientras que cuando los organismos se reproducen asexualmente, la frecuencia y grado de variabilidad en la progenie se reduce tremendamente. Sin embargo, el tamaño de esta progenie asexual es tan grande que la cantidad total de variabilidad producida es probablemente igual o mayor que la variabilidad total encontrada en una progenie sexual. Este es el caso de la reproducción abrumadoramente asexual que sucede en oomicetos como *Phytophthora infestans* (Agrios, 2005).

1.2.3.2.1. MUTACIÓN

Las mutaciones generan la contribución más importante de variación genética, ocurren espontáneamente en la naturaleza en organismos que se reproducen de forma sexual, asexual o mixta. La mutación representa cambios en la secuencia de bases del ADN en un locus particular, ya sea mediante la sustitución de una base por otra o mediante la adición o delección de uno o varios pares de bases. Los cambios adicionales pueden ser provocados por la amplificación de segmentos particulares de ADN a múltiples copias, mediante la inserción o escisión de un elemento transponible, y por inversión de un segmento de ADN (Agrios, 2005).

La mutación es la principal fuente de nuevos alelos que, dentro de linajes clonales, son fuente constituyente de nuevos genotipos (McDonald, 2004). El porcentaje de mutación generalmente es bajo pero también depende del patógeno y loci en el cual se produzca (McDonald & Linde, 2002).

Debido a que las plantas y patógenos también contiene material genético extranuclear, las mutaciones en el ADN extranuclear son tan comunes como en el ADN nuclear. Tres tipos de adaptación debidas al cambio en el material genético extracelular se han demostrado en los patógenos: Capacidad de tolerar sustancias previamente toxicas, utilizar nuevas sustancias para su crecimiento, y cambiar su virulencia hacia las plantas hospederas (Agrios, 2005).

En el modelo de riesgo propuesto por McDonald y Linde (2002) los patógenos con altas tasas de mutación presentan un riesgo mayor que los patógenos con bajas tasas de mutación porque una alta tasa de mutación aumenta la probabilidad de que la mutación de avirulencia a virulencia o de baja a alta patogenicidad esté presente en una población de patógenos. Por ejemplo, las poblaciones de patógenos con elementos transponibles activos, como *Phytophthora infestans*, pueden exhibir mayores tasas de mutación que las poblaciones sin transposones activos.

Un nuevo alelo en las poblaciones podría conferir a las cepas una mayor patogenicidad para evadir la resistencia conferida por genes mayores y/o erosionar la resistencia cuantitativa. Según nuestra comprensión actual de la interacción gen por gen, se necesita una mutación en el alelo de avirulencia, que codifica el inductor reconocido por un gen de resistencia, para crear una cepa patógena virulenta. Las mutaciones de avirulencia a virulencia son raras y operan en forma aislada, no

causarían un colapso en la resistencia a menos que se acoplen con la selección direccional (por ejemplo, el despliegue de un gen de resistencia), entonces los mutantes virulentos aumentan su frecuencia rápidamente y hacen que un gen de resistencia pierda su eficacia (McDonald & Linde, 2002).

La reproducción clonal es predominante en muchas especies del género *Phytophthora*, de manera que todos los individuos pertenecientes a un linaje clonal conforman la progenie de un solo individuo; sin embargo, cierta información sobre la mutación puede obtenerse del análisis de la variación genética dentro y entre estas poblaciones. En el caso de *Phytophthora infestans* uno de los linajes clonales más antiguos es US-1, de tipo de apareamiento A1 y haplotipo mitocondrial Ib. Todos los miembros de este linaje alrededor del mundo derivaron de un mismo ancestro, y en ellos se ha descubierto mutaciones en el ADN nuclear y mitocondrial que implican inserciones y deleciones, las cuales a pesar de ser limitadas, ocurren en una frecuencia detectable. Estas mutaciones están relacionadas con cambios en la virulencia y resistencia a fungicidas (metalaxyl). Con la gran cantidad de propágulos que se producen en un campo de cultivo infectado, una potente selección impuesta por los genes de resistencia del hospedero y los fungicidas aplicados, una tasa de mutación moderada sería suficiente para generar toda la variación observada (Goodwin, 1997).

Dado el gran tamaño de la progenie del patógeno, es probable que cada año se produzcan varios mutantes que difieran en virulencia de su progenitor. Una vez que un nuevo factor de virulencia aparece en un mutante, este factor toma parte en un proceso de reproducción sexual o parasexual del patógeno y puede producir recombinantes que poseen virulencia muy diferente en grado o naturaleza de las cepas ya existentes (Agrios, 2005).

La mayoría de las mutaciones son perjudiciales; sin embargo, mediante la recombinación sexual puede producir individuos con menos mutaciones deletéreas, y por tanto, mejores características. En contraste, las poblaciones asexuales no tienen mecanismos para eliminar las mutaciones deletéreas, por lo tanto el clon de la progenie siempre tendría al menos tantas mutaciones deletéreas como sus clones progenitores, y estas se acumulan durante el tiempo disminuyendo la aptitud de la población clonal, lo cual se conoce como el Trinquete de Muller. A medida que la aptitud poblacional disminuye, el tamaño de la población también decrece,

umentando la velocidad del trinquete, lo que lleva a la "fusión mutacional" y la extinción. Una selección contra mutaciones desfavorables puede ralentizar el trinquete y permitir que las poblaciones clonales sobrevivan indefinidamente pero con una aptitud media menor que las poblaciones sexuales (Goodwin, 1997).

Las poblaciones numerosas tienen más mutantes que las poblaciones pequeñas, debido a que las tasas de mutación generalmente son bajas, cuyas consecuencias se aprecian en la deriva genética (McDonald & Linde, 2002).

1.2.3.2.2. MIGRACIÓN

La migración es una fuerza evolutiva con efectos visibles en la estructura poblacional de una especie, capaz de reunir a todos los individuos en una reserva genética común. Existen dos componentes de la migración: movimiento o dispersión de individuos, y la contribución de migrantes a la reserva genética de la población receptora en las siguientes generaciones. El flujo genético solo ocurre si los individuos migrantes se establecen y reproducen en la nueva población. Los efectos de la migración dependen del destino que sigan los inmigrantes luego del evento de dispersión, y del grado de diferenciación entre las poblaciones. Un evento fundador es la migración de nuevas poblaciones a un territorio previamente desocupado, estas poblaciones contienen sólo un pequeño porcentaje de la variación genética de las poblaciones que son su fuente original; debido a que las poblaciones fundadoras son pequeñas con respecto a las poblaciones fuente de origen (Goodwin, 1997).

El transporte de órganos vegetales infectados es probablemente es el medio de dispersión de larga distancia más frecuente, principalmente tejidos carnosos o leñosos que no secan fácilmente, como los tubérculos de papa. Las oosporas son capaces de resistir condiciones ambientales extremas pudiendo dispersarse en suelo o tejidos vegetales secos. Los esporangios pueden diseminarse en agua o viento a través de largas distancias mientras estén protegidos de la desecación y la radiación ultravioleta. Las zoosporas son adecuadas para la localización del tejido hospedero a distancias cortas mas no para dispersión. Las poblaciones fundadoras de especies heterotálicas están limitadas a la reproducción asexual cuando un solo tipo de apareamiento ha sido introducido y serán más vulnerables a la extinción. Niveles relativamente bajos de migración pueden prevenir la diversificación de la población (Goodwin, 1997).

1.2.3.2.3. FLUJO GENÉTICO

El flujo genético rompe los límites que, de otro modo, podrían aislar a las poblaciones. El flujo de genes es fundamental para los patógenos de plantas en los agroecosistemas porque es el proceso que introduce nuevas variaciones genéticas en campos agrícolas distantes del sitio de la mutación original (McDonald, 2004).

El flujo de genes que involucran propágulos asexuales (flujo genotípico) plantea un mayor riesgo que el movimiento de propágulos sexuales (flujo génico) porque el propágulo asexual representa un paquete de alelos ligados coadaptados, que ya ha sido seleccionado. Adicionalmente, los patógenos que exhiben un elevado nivel de flujo genético (génico o genotípico) aumentan la dimensión del vecindario genético, incrementando el tamaño efectivo de la población y confiriendo mayor diversidad a la población del patógeno. Por tanto, los patógenos con alto flujo genético representan un mayor riesgo. Sin embargo, el tamaño del vecindario genético puede ser alterado por las actividades antropogénicas (McDonald & Linde, 2002).

El vecindario genético es de mayor tamaño en el caso de patógenos que tienen estructuras de dispersión, pudiendo llegar a ocupar continentes enteros; en contraste, existen patógenos cuyos propágulos se mueven en cortas distancias, incluso solo una sección en el campo de cultivo, por lo que el vecindario genético es de menor tamaño. Entonces surge la hipótesis de que los organismos con mayor potencial evolutivo representan el mayor riesgo respecto a la capacidad de evadir el efecto de los genes de resistencia o evolucionar para contrarrestar otros intentos de control como la aplicación de fungicidas (McDonald & Linde, 2002).

1.2.3.2.4. DERIVA GENÉTICA

La deriva genética es un evento al azar que puede conducir a cambios impredecibles en las poblaciones de patógenos en un lapso de tiempo corto. La deriva aleatoria es causada por pequeños tamaños recurrentes de población, reducciones severas en el tamaño de la población llamadas "cuellos de botella" y eventos fundadores donde una nueva población comienza su desarrollo en un lugar diferente al de su origen con un pequeño número de individuos. La deriva genética conduce a la fijación de alelos o genotipos en las poblaciones y, por lo tanto, tiende a disminuir los niveles generales de variación genética (McDonald, 2004).

La pérdida del genotipo con mayor aptitud puede ser resultado de los efectos de la población fundadora y/o las reducciones estacionales en el tamaño de la población debido a condiciones ambientales desfavorables. La deriva genética puede ocurrir durante el evento fundador y en las generaciones posteriores hasta que aumente el tamaño de la población, consecuentemente la estructura genética de la población fundadora y la población fuente original serán diferentes. Las fluctuaciones en el tamaño de la población probablemente serían más notorias cuando la siguiente población se inicia a partir de un pequeño número de individuos que sobreviven en los tejidos perennes (raíces, cormos y tubérculos) del hospedero al que infectaron, en el suelo o como oosporas. Debido a que las oosporas aumentan la probabilidad de supervivencia, la deriva genética sería más grave para las especies heterotálicas cuando solo hay un tipo de apareamiento presente (Goodwin, 1997). Los patógenos que sufren reducciones regulares y severas del tamaño de la población (cuellos de botella), como resultado de rotaciones de cultivos o extremos climáticos anuales que matan a la mayoría de los individuos, son menos diversos y más lentos para adaptarse que las poblaciones que mantienen un gran tamaño durante todo el año (McDonald & Linde, 2002).

El tamaño de la población afecta la probabilidad de que los mutantes estén presentes, influenciando la diversidad de genes en una población mediante un proceso de deriva genética aleatoria. Patógenos de grandes tamaños de población poseen mayor potencial evolutivo que patógenos de menor tamaño poblacional, en las cuales la deriva genética conlleva a la pérdida de alelos a través del tiempo (McDonald & Linde, 2002).

1.2.3.2.5. REPRODUCCIÓN Y TIPO DE APAREAMIENTO

La reproducción y el tipo de apareamiento afectan en la distribución de la diversidad genética dentro y entre los individuos de una población, puede ser sexual mediante meiosis, asexual mediante mitosis, o mixta. El sistema de apareamiento es relevante solo para el componente sexual de la reproducción, y puede variar desde la endogamia estricta hasta el cruzamiento obligatorio. Las poblaciones de patógenos sexuales suelen exhibir un alto grado de diversidad de genotipos, por lo que se necesitan medidas de diversidad genética para comparar la cantidad de la diversidad en diferentes poblaciones (McDonald, 2004).

En patógenos asexuales, las medidas de diversidad de genotipos son más significativas que las medidas de diversidad génica porque tienden a mantener juntas las combinaciones existentes de genes (McDonald, 2004).

Los genotipos más adecuados permanecen juntos mediante de la reproducción asexual pudiendo alcanzar una alta frecuencia en clones seleccionados. La disposición geográfica – temporal de clones o linajes clonales dentro y entre las poblaciones obedecerá principalmente al potencial de dispersión de los propágulos asexuales, de manera que los clones con la mejor aptitud física pueden distribuirse en un área amplia a través del flujo del genotipo, causando una epidemia, pero si el propágulo asexual tiene un potencial de dispersión limitado, entonces los clones más dañinos pueden estar limitados a un punto caliente que tiene solo unos pocos metros de diámetro en un campo (McDonald & Linde, 2002).

Los patógenos sometidos a recombinación regular (anastomosis de hifas y/o recombinación parasexual) presentan mayores riesgos que los patógenos que experimentan poca o nula recombinación (McDonald & Linde, 2002).

1.2.3.2.6. RECOMBINACIÓN

Una población de patógenos recombinantes puede reunir nuevas combinaciones de alelos de virulencia tan rápidamente como los mejoradores pueden recombinar genes de resistencia. Por esta razón, las pirámides de genes de resistencia pueden no ser una estrategia efectiva de reproducción a largo plazo contra los patógenos que se someten a recombinación regular (McDonald & Linde, 2002).

1.2.3.2.6.1. RECOMBINACIÓN SEXUAL

Ocurre cuando dos núcleos haploides (1N) se unen para formar una célula de núcleo diploide (2N) llamada cigoto, el cual se dividirá meioticamente para producir nuevas células haploides. La recombinación de factores genéticos ocurre durante la división meiótica del cigoto como resultado del cruce genético entre las cromátidas de un par de cromosomas. La recombinación de genes de dos núcleos parentales se da en el cigoto, y el eventual núcleo haploide o gametos resultantes luego de la meiosis son ambos diferentes entre sí y de los gametos que produjeron el cigoto (Agrios, 2005).

1.2.3.2.6.2. RECOMBINACION MITOTICA

Ocurre durante la división de células mitóticas en el curso del crecimiento de un individuo y se cree que representa una cantidad significativa de intercambio genético en hongos (Agrios, 2005).

Con el tiempo, un organismo puede acumular varios alelos de un gen que codifican formas ligeramente diferentes de una enzima, llamadas isoenzimas. Tales enzimas están controladas por genes en diferentes loci y funcionan bajo condiciones ligeramente diferentes de temperatura, pH, etc. (Agrios, 2005).

Muchas de las variaciones en los linajes clonales de *P. infestans* no involucraron nuevos alelos sino que aparentes cambios a la homocigosidad en los loci que fueron heterocigotos en el genotipo más común, esto podría deberse al cruce de las cromátidas del cromosoma distales al punto de ruptura de la recombinación durante la mitosis, lo cual genera un cambio en la homocigosidad en todos los loci heterocigotos. Aunque la recombinación mitótica no genera una variación, puede revelar una variación recesiva que anteriormente estaba escondido en heterocigotos (Goodwin, 1997).

La recombinación mitótica fue detectada con mayor frecuencia que la mutación, pues todas las variaciones aloenzimáticas entre linajes clonales involucran cambios de heterocigosidad, Adicionalmente también se apreciaron cambios en la huella genética, pues loci que antes eran heterocigotos subsecuentemente se convirtieron en homocigotos, resultando en la pérdida de una banda dentro del perfil genético (Goodwin, 1997).

1.2.3.2.6.3. RECOMBINACIÓN PARASEXUAL

La fusión somática seguida de un ciclo parasexual ha sido propuesta para explicar el restablecimiento de nuevas razas de *P. infestans* en estudios de co – inoculación. El aparente equilibrio de ligamiento observado entre fenotipos de virulencia podría explicarse mediante la recombinación parasexual. Sin embargo, los procesos parasexuales (cariogamia, cruzamiento mitótico y pérdida de cromosomas) ocurre raramente y los linajes clonales parecen mantener sus identidades separas en ausencia de la reproducción sexual (Goodwin, 1997).

1.2.3.2.6.4. HIBRIDACIÓN INTERESPECÍFICA

La introgresión mediante hibridación con otras especies (*P. infestans* X *P. mirabilis*) solo se ha dado en condiciones de laboratorio (Goodwin, 1997).

1.2.3.2.7. SELECCIÓN

La selección es un proceso direccional que conduce a un aumento en la frecuencia de alelos o genotipos seleccionados. Una selección fuerte puede resultar en un rápido cambio de genotipos. Hay tres mecanismos posibles para que se dé esta ventaja selectiva: 1) La reproducción sexual, que elimina la dependencia del hospedero para sobrevivir y aumenta la longevidad del inóculo, 2) El efecto del trinquete de Muller, que gradualmente reduce el promedio aptitudinal de los clones en una población asexual, nuevos clones con menor aptitud se generan constantemente por mutación, el trinquete actúa cuando el genotipo con mayor aptitud se pierde por deriva genética o presión mutacional, 3) Los cuellos de botella genéticos, capaces de causar una reducción en la aptitud (Goodwin, 1997).

Principalmente la selección dirige los cambios en la frecuencia de alelos mutantes (McDonald & Linde, 2002). El destino de los genes introducidos en una población a través de la mutación o la migración está determinado en parte por la selección. Mientras las variantes con mayor aptitud aumentan en frecuencia; las variantes de menor aptitud disminuyen y finalmente se eliminan. La selección puede causar cambios rápidos en las poblaciones cuando las diferencias de aptitud son grandes (Goodwin, 1997).

En el caso de las patologías vegetales en los ecosistemas agrícolas, aumenta la frecuencia de los alelos de resistencia en las plantas y de virulencia en los patógenos, durante los ciclos de auge y caída a través de la coevolución (McDonald, 2004). Existe evidencia de que la selección se da en función de los genes de resistencia presentes en el hospedero. Según Tooley, Fry y Gonzalez (1985), la alta frecuencia de virulencia al gen de resistencia R1 en Perú se debió a la prevalencia de este gen en las variedades de papa peruanas.

Dentro de las poblaciones de *P. infestans* el linaje clonal US-1 no compite bien contra variedades introducidas del hospedero, por lo que ha sido reemplazado rápidamente por nuevos genotipos en Europa, Asia, América del Sur y del Norte. Las dos migraciones de *P. infestans* a Europa parecen haber tenido cuellos de botella de

diferentes tamaños: La primera migración probablemente tuvo el tamaño de población mínimo absoluto de un individuo genético, mientras que el cuello de botella para la segunda migración no fue tan grave (aunque la cantidad de la variación introducida durante la segunda migración todavía era solo un pequeño subconjunto de esa variación en México). Las poblaciones fundadas por migraciones posteriores de *P. infestans* que no parecen haber experimentado un cuello de botella tan severo pueden haber tenido mayor aptitud en comparación con poblaciones anteriores que probablemente fueron fundadas por un único clon (Goodwin, 1997).

Selección impuesta por Genes de Resistencia Mayor y Resistencia Cuantitativa

La resistencia mayor, es aquella que es ejercida por un solo gen. La selección direccional ocurre cuando un gen de resistencia mayor se distribuye ampliamente en un área geográfica grande, lo cual conlleva a un incremento en la frecuencia del mutante que posee el gen de virulencia con el que es capaz de vencer determinado gen de resistencia. Este proceso se puede interrumpir favoreciendo diferentes alelos o genotipos mutantes en tiempo y espacio distintos, mediante el uso de una pirámide de varios genes principales de resistencia en un único cultivar con la esperanza de que el patógeno no sea capaz de sufrir una secuencia de mutaciones correspondiente a cada gen de resistencia; o rotar la presencia de genes de resistencia mayor a través del tiempo y el espacio, o mediante el crecimiento de cultivares portadores de diferentes genes de resistencia; en ambos casos el objetivo es reducir la tasa de incremento de la frecuencia del alelo o genotipo mutante (McDonald & Linde, 2002).

Por otro lado, la resistencia cuantitativa es conferida por un conjunto de genes no ligados, con efecto aditivo y equitativo, que disminuyen o previenen la infección por lo que parece funcionar igual en todas las cepas del patógeno. Es posible que las poblaciones de patógenos también evolucionen para superar la resistencia cuantitativa en los agroecosistemas, lo cual es difícil determinar debido a que la resistencia cuantitativa es influenciada por las condiciones ambientales de manera que el grado de patogenicidad de las cepas puede variar considerablemente de un año a otro como resultado de la interacción genotipo – ambiente. Si el producto génico en el patógeno y el hospedero interactúan de manera aditiva y equitativa, entonces el grado de daño será proporcional al número de alelos patogénicos (McDonald & Linde, 2002).

1.2.3.2.8. POLIPLOIDIZACIÓN

La acumulación de mutaciones deletéreas puede llevar a la extinción rápida de linajes clonales debido al Triquete de Muller, sin embargo algunos genotipos que se multiplican asexualmente logran adaptarse en áreas geográficas amplias por periodos considerablemente largos. Si bien *P. infestans* es conocido como un organismo diploide (Grunwald & Flier, 2005), estudios recientes sugieren la poliploidización como mecanismos que incrementan el riesgo de evolución del patógeno. En el caso de las poblaciones sexuales, los experimentos realizados por Hamed y Gisi (2013) sugieren que los individuos de la progenie F1 de parentales diploides ($2n \times 2n$) son mayormente diploides; mientras que cuando al menos un parental es triploide, los descendientes pueden ser diploides, trisómicos y/o triploides, además estos últimos son menos patogénicos ya que su capacidad de esporulación disminuye.

Por otro lado, Li, Zhou, Qian, van der Lee y Huang (2015) investigaron sobre la ocurrencia de la poliploidía en *P. infestans* así como la relación entre los niveles de ploidía y los sistemas de reproducción. Para ello, primero genotiparon un grupo de aislamientos de linajes sexuales y aislamientos mediante el múltiplex de 12 marcadores microsatélites (Li et al., 2013) y analizaron la data resultante respecto al tamaño molecular de los alelos e incluyeron la puntuación de la altura del pico del alelo bajo la premisa de que la proporción de las alturas máximas de los alelos permitiría evaluar la cantidad de alelos en cada locus de microsatélite. Sorprendentemente, descubrieron que los linajes asexuales mostraron una alta proporción de loci trialélicos (0.73-0.99), mientras que el valor (0.14-0.35) en las poblaciones sexuales era significativamente menor ($p = 0.008$).

Seguidamente, y para analizar más a fondo el nivel de ploidía de todo el genoma, Li et al. (2015) resencuenciaron 11 aislamientos de poblaciones sexuales y asexuales como US-1 y EC-1. Luego alinearon las secuencias al genoma de referencia T30-4 para determinar el polimorfismo de un único nucleótido (SNP), y utilizaron la profundidad de lectura relativa en cada SNP heterocigoto para determinar el nivel de ploidía. Los resultados fueron consistentes con el genotipado, pues las poblaciones sexuales mostraron ser diploides mientras las asexuales así como US-1 y EC-1, demostraron ser triploides.

Por último, Li et al. (2015) determinaron mediante la citometría de flujo que el contenido de ADN de los aislamientos asexuales era 1.5 veces el de los sexuales.

Adicionalmente, el conteo de cromosomas bajo microscopía demostró que las poblaciones asexuales poseían un promedio de 20.6 cromosomas por aislamiento mientras este valor era de 13.6 en los de poblaciones sexuales. De esta manera concluyeron que la ploidía y el sistema de reproducción están asociados, y la triploidía observada en US-1 y EC-1 juegan un rol importante en su éxito epidemiológico.

Actualmente se sabe que HERB-1 era diploide (Yoshida et al. 2013), pero aún es incierta la forma en que surgen linajes triploides. La poliploidía ha sido común en poblaciones fuera de México (Tabla 7), por lo que Sansome (1977) sugirió que los individuos poliploides en *P. infestans* podrían ser el resultado de la selección de núcleos autotetraploides que podrían haberse generado ocasionalmente durante periodos de divisiones nucleares rápidas. Este fenómeno podría ser ventajoso pues los tetraploides parecieran estar mejor adaptados a las temperaturas bajas en comparación con sus parientes diploides. Además, los individuos tetraploides podrían albergar una gama más amplia de combinaciones de alelos de virulencia comparados con los diploides, en consecuencia contribuyen al desarrollo de fenotipos más virulentos.

Tabla 7: Distribución de los niveles de ploidía de *P. infestans*, tomado de Tooley y Therrien (1989). Donde: ^a Heterocarionte, ^b Uno o algunos aislamientos de tipo de apareamiento A2, ^c Uno o algunos aislamientos de tipo de apareamiento A1, ^d Derivado de los aislamientos listados anteriormente.

Procedencia de <i>P. infestans</i>	Tipo de Apareamiento	Nivel de Ploidía				
		2N	3N	4N	H ^a	Total
México	A1 + A2	22	1	0	0	23
EEUU & Europa	A1	3	6	8	1	16
Perú	A1	2	3	16	0	21
Países Bajos	A1 + A2	16	8	54	5	83
	A1	7	7	46	1	61 ^d
	A2	9	1	8	4	22 ^d
Japón	A1 + A2	0	9	10	2	21
	A1	0	0	10	2	12 ^d
	A2	0	9	0	0	9 ^d
Polonia	A1 (+A2) ^b	9	16	21	7	53
Israel	A2 (+A1) ^c	3	1	2	0	6

1.2.4. MARCADORES PARA LA CARACTERIZACIÓN GENOTÍPICA Y FENOTÍPICA

El estudio de los rasgos fenotípicos es importante para la comprensión de la presión de selección, mientras los rasgos genotípicos permiten conocer la evolución y dinámica de la población. Un sistema adecuado de marcadores posee las siguientes características (Cooke & Lees, 2004):

- ✓ **Alto Rendimiento:** Utilizar tecnología disponible (por ejemplo, PCR), capaz de analizar varios rasgos simultáneamente dentro de un único aislado, económicos.
- ✓ **Robusto:** Con protocolos detallados y optimizados, de libre disposición para promover su adopción generalizada como sistema de marcadores estandarizado.
- ✓ **Flexible:** Aplicable y modificable para cualquier tipo de muestra (ADN puro, tejido vegetal infectado, suspensión de esporas) para una resolución adecuada.
- ✓ **Adecuado para el Análisis Genético Riguroso:** Marcadores nucleares y mitocondriales, codominantes, no ligados, de herencia simple. Apropriados para un análisis dentro y entre las poblaciones.
- ✓ **Seguridad:** No implica procedimientos o productos químicamente peligrosos.

La sonda de polimorfismo de longitud de fragmentos de restricción RG57 (Goodwin et al., 1992) fue el primer marcador molecular empleado para identificar linajes de *P. infestans*. Posteriormente, se emplearon otros marcadores, como las aloenzimas *glucosa-6-fosfato isomerasa* y *peptidasa*, el tipo de apareamiento, para diagnosticar los linajes clonales (Goodwin et al., 1995). A medida que se desarrollaron nuevos sistemas de marcadores, como los haplotipos mitocondriales (Griffith y Shaw, 1998), también se utilizaron para ayudar a asignar individuos a linajes e identificar nuevos linajes. Esto ha resultado en una receta de marcadores moleculares implementada para diagnosticar los linajes de *P. infestans* utilizados hasta la fecha (Cooke & Lees, 2004; Hu et al. 2012 ; Li et al. 2013). La inferencia de la clonalidad entre poblaciones recientes y anteriores es facilitada por los sistemas de marcadores moleculares que permiten comparar las características genotípicas de los individuos de dichas poblaciones.

1.2.4.1. MARCADORES FENOTÍPICOS

1.2.4.1.1. TIPO DE APAREAMIENTO

P. infestans es un organismo heterotálico que requiere de la coexistencia espacio temporal de sus dos tipos de apareamiento (A1 y A2) para realizar la reproducción sexual, pues la diferencia entre estos no reside en el dimorfismo sexual sino en la producción y respuesta hormonal, es así que los individuos de ambos tipos presentan estructuras reproductivas masculinas y femeninas en el mismo individuo pero son autoincompatibles por lo que necesitan del estímulo hormonal proveniente de un individuo de tipo del apareamiento opuesto para la formación de oosporas; es

decir, aislamientos predominantemente “masculinos” generan más anteridios que oogonios mientras los que son eminentemente “femeninos” producen más oogonios que anteridios, finalmente algunos aislamientos exhiben predisposición equitativas (Pérez & Forbes, 2008).

El conocimiento de la distribución temporo – espacial de las cepas A1 y A2 es fundamental para entender la influencia del tipo de apareamiento en la concepción y sostenimiento de la diversidad genética y en la etiología de la enfermedad (Cooke & Lees, 2004).

Su determinación fenotípica se realiza mediante la siembra *in vitro* del aislamiento en prueba, frente al aislamiento testigo cuyo tipo de apareamiento es conocido (A1 o A2). Aquellos aislamientos que generen oosporas al ser enfrentados con el testigo A1, son considerados del grupo A2; y viceversa (Pérez & Forbes, 2008).

Actualmente es posible su determinación molecular mediante la amplificación de un segmento específico de 1,35 Kb el cual caracteriza al locus S1 característico del tipo de apareamiento A1 e inexistente en el tipo de apareamiento A2; esto mediante la caracterización de segmentos escindidos de secuencias polimórficas CAPS (Cleaved Amplified Polymorphic Sequence) con los cebadores específicos W16-1 (5'-AACACGCACAAGGCATATAAATGTA-3') y W16-2 (5'-GCGTAATGTAGCGTAACAGCTCTC-3') (Judelson, 1996).

Para el tipo A2, la secuencia amplificada es de 347 bp, e inexistente en el tipo A1, se identifica mediante PCR con los cebadores E+AA (5'-GACTGCGTACCAATTCAA-3') y M+CAA (5'-GATGAGTCCTGAGTAAC AA-3') (Kim & Lee, 2002).

1.2.4.1.2. RESISTENCIA A FUNGICIDAS

Ciento cuarenta años atrás el cloruro de sodio, la cal, y azufre fueron utilizados para el control químico sin éxito para dar lugar posteriormente al caldo bórdales compuesto de sulfato y cobre, el cual sí fue efectivo; en 1880 fue reemplazado paulatinamente por otros compuestos cúpricos de mayor eficacia como el oxiclورو de cobre. En la década de 1940 se introdujeron un conjunto de Etilenebistidiocarbamatos (EBDCs), y en la década de 1970 se conocieron los fungicidas sistémicos, cuyos principios activos (Metalaxyl, ofurace, oxadryxil, benalaxil) pertenecen a las fenilamidas (Perez & Forbes, 2008).

Los fungicidas son compuestos químicos para prevenir la infección o intentar controlarla posteriormente a su inicio, se clasifican en tres tipos: 1) De contacto, también conocidos como protectantes o residuales, protegen únicamente las zonas donde se deposita el fungicida evitando la germinación y penetración del patógeno sobre la superficie foliar, siendo los más significativos los cúpricos y los ditiocarbamatos; 2) Translaminares, se transportan a través de la lámina foliar sobre la que se ha depositado; 3) Sistémicos, luego de ser absorbidos mediante el follaje y raíces, se translocan a través del floema y xilema, por lo que son capaces de inhibir algunos o varios estadios metabólicos del patógeno siendo capaces de combatir al patógeno incluso después de iniciada la infección, pero con la desventaja del rápido desarrollo de resistencia del patógeno (Perez & Forbes, 2008).

El Metalaxyl es el principio activo de los fungicidas sistémicos utilizados en el manejo del tizón tardío, es una fenilamida de efecto supresivo que actúa en el ADN ribosomal una vez que el micelio penetra el foliolo, provocando el cese de su desarrollo. A partir de 1980 se detectó la resistencia de *P. infestans* al grupo de fenilamidas en Europa, lo cual podría deberse a eventos migratorios o eventos mutacionales de la población. La resistencia a metalaxyl está dominada por un locus que muestra dominancia intermedia (Shattock, 1988).

La resistencia a fungicidas en el patógeno está determinada por una susceptibilidad menor a la conocida frente a estos compuestos. Las pruebas de resistencia a fungicidas están predominantemente dirigidas a la resistencia respecto a fenilamidas, excepto en la agroindustria. Tal es el caso de la resistencia al principio activo metalaxyl por parte de individuos de *P. infestans* a nivel internacional, que representa una limitación en la aplicación de este compuesto pues el decremento temporal de la susceptibilidad a un fungicida específico es producto de una adaptación del patógeno, aunque debido a que no es heredable puede revertirse mediante rotación de las prácticas de intervención química (Perez & Forbes, 2008).

El riesgo de generar resistencia a los fungicidas puede depender de las particularidades químicas del principio activo y su forma de acción ante el patógeno (riesgo inherente al fungicida), o de su ciclo de vida y potencial de mutación o adaptación frente a la presión de selección que ejerce un fungicida aplicado (el riesgo inherente al patógeno); ambos tipos de riesgo conjuntamente señalarán el riesgo real que puede ser alto, medio o bajo (Pérez & Forbes, 2008).

Phytophthora infestans adquirió resistencia a las fenilamidas (metalaxyl, metalaxyl-M (mefenoxam), furalaxyl, oxadixyl, benalaxyl y ofurace) pero no a fungicidas QoI (dimetomorf, iprovalicarb, fluazinam, cimoxanil, azoxistrobina y fenamidone), propamocarb y organotinas. En consecuencia, es considerada de alto riesgo para fenilamidas y de riesgo medio para fungicidas con un modo de acción distinto según el Comité de Acción para la Resistencia a Fungicidas (Fungicide Resistance Action Committee, FRAC por sus siglas en inglés) (Pérez & Forbes, 2008).

La evolución de la resistencia a fungicidas ha sido localizado en el gen del citocromo b mitocondrial, y es el resultado de mutaciones recurrentes, recombinación y migración del patógeno, así como el proceso de selección impuesto por el fungicida (Gisi, Sierotzki, Cook & McCaffery, 2002).

1.2.4.1.3. VIRULENCIA

Para el desarrollo de una enfermedad, intervienen tres componentes: La planta hospedera o susceptible, el patógeno virulento y las condiciones ambientales propicias. Las plantas poseen genes o una combinación de ellos que las hacen susceptibles a un patógeno pero además adquieren uno o numerosos genes de resistencia mediante evolución o mejoramiento sistemático, que las protegen de la infección o enfermedad severa. La patogenicidad es la capacidad de un patógeno de causar la enfermedad, la virulencia mide el grado de la patogenicidad de un aislamiento y responde al modelo de resistencia vertical o de genes mayores en la planta, mientras la agresividad es la capacidad del patógeno de completar su ciclo de vida sobre el hospedero y responde al modelo de resistencia horizontal o cuantitativa (Agrios, 2005).

La resistencia menor, general, horizontal, de campo, poligénica o cuantitativa es conferida por un conjunto de genes no ligados, con efecto aditivo y equitativo, que disminuyen o previenen la infección. Ejercen su influencia mediante el control de numerosas etapas fisiológicas que proveen el material y estructura que compone el mecanismo de defensa. Por otro lado, la resistencia mayor, específica, vertical, diferencial, monogénica o cualitativa es conferida por un gen mayor (R) que controla el reconocimiento del patógeno por la planta hospedera y por tanto cumple una función primordial en la expresión de la resistencia (Agrios, 2005).

La teoría del Gen por Gen

La evolución de la resistencia de una planta y la virulencia de un patógeno pueden ser explicadas a través de la teoría del gen por gen, que indica que por cada gen que confiere resistencia a la planta existe un gen correspondiente que confiere virulencia al patógeno, y viceversa. Generalmente, en la planta hospedera los genes de resistencia son dominantes (R) y los genes de susceptibilidad son recesivos (r); en contraste, en el patógeno los genes de avirulencia (incapacidad de infectar) son generalmente dominantes (A) mientras los genes de virulencia son recesivos (a) (Agrios, 2005).

Entonces, cuando dos plantas, una portadora del gen de resistencia R_1 y la otra con el gen de susceptibilidad r_1 , son inoculadas con dos razas del patógeno, una portadora del gen de avirulencia A_1 y la otra poseedora del gen de virulencia a_1 ; de las cuatro interacciones posibles, sólo la de genes mayores " A_1R_1 " será incompatible, pues el hospedero posee un gen de resistencia específico capaz de codificar un receptor que reconozca el elicitor codificado por el gen de avirulencia específico en el patógeno (Fig. 16, Tabla 8).

Tabla 8: Interacciones Gen por Gen: **Incompatibilidad (-)**: Resistencia del hospedero, no infección. **Compatibilidad (+)**: Susceptibilidad del hospedero, infección.

		PLANTA HOSPEDERA		
		GEN DOMINANTE	GEN RECESIVO	
		R (resistente)	r (susceptible)	
P A T O G E N O	GEN DOMINANTE	A (avirulento)	RA (-)	rA (+)
	GEN RECESIVO	a (virulento)	Ra (+)	ra (+)

En contraste, en la interacción " a_1R_1 " el patógeno no posee el gen de avirulencia que permita al gen de resistencia del hospedero activar el mecanismo de protección; por ello se genera la reacción de compatibilidad (Figura 16, Tabla 8). En las interacciones " A_1r_1 " y " a_1r_1 " el hospedero no posee el gen de resistencia y por ello se produce la reacción compatible de virulencia en ambos casos (Figura 17, Tabla 8) (Agrios, 2005).

Los genes de resistencia a *P. infestans* se conocen como genes *Rpi*, están presentes en algunas solanáceas silvestres tuberíferas pertenecientes a la diversa sección *Petota* Dumort.

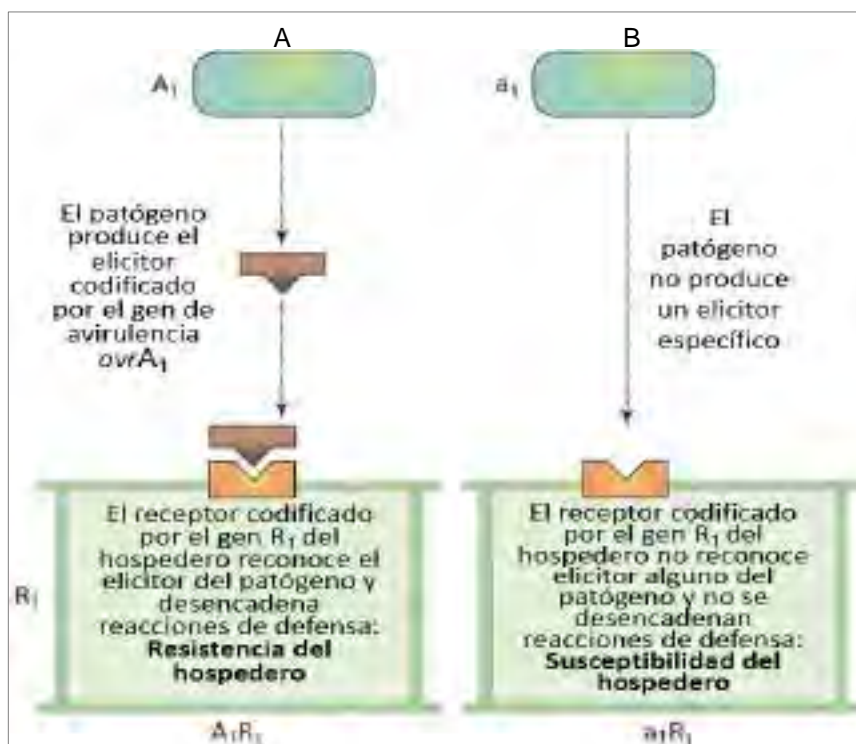


Figura 16: Interacción Gen por Gen: A) Patógeno avirulento – hospedero resistente (A_1R_1), y B) Patógeno virulento – hospedero resistente (a_1R_1), tomado de Agrios (2005).

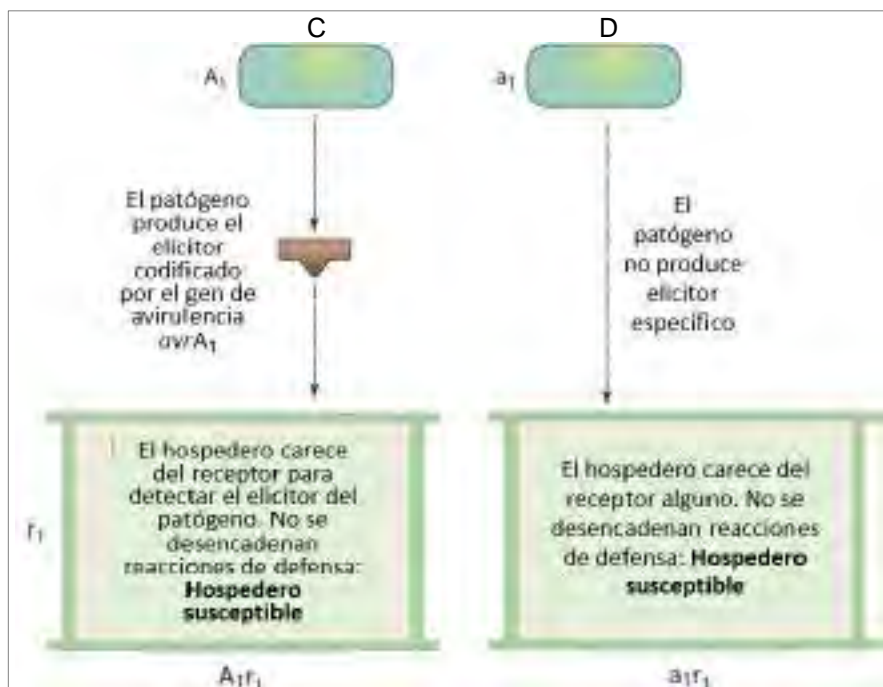


Figura 17: Interacción Gen por Gen: C) Patógeno avirulento – hospedero susceptible (A_1r_1) y D) Patógeno virulento – hospedero susceptible (a_1r_1), tomado de Agrios (2005).

Black, Mastenbroek, Mills y Peterson (1953) distinguieron once genes de resistencia a partir de *Solanum demissum*, los designaron de R1 a R11 en un set de plantas diferenciales de papa. Actualmente, se conocen 21 genes adicionales provenientes de otras especies que también son capaces de conferir resistencia a *P. infestans*, (Tabla 9).

Tabla 9: Genes de resistencia mayor a *P. infestans*, adaptado de Vleeshouwers et al. (2011).

Gen R	<i>Solanum spp.</i>	Origen Geográfico de la Accesoión	Cromosoma en el que se localiza	Referencia
Familia R1				
R1	<i>S. demissum</i>	Mexico	V	Ballvora et al., 2002; Meksem et al., 1995.
Familia R2				
R2	<i>S. demissum</i>	Mexico	IV	Black et al., 1953; Lokossou et al., 2009; Mastenbroek, 1952.
Rpi-blb3	<i>S. bulbocastanum</i>	Mexico	IV	Lokossou et al., 2009; Park et al., 2005.
Rpi-abpt	Desconocido	Mexico	IV	Hermesen & Ramanna, 1973; Anoma A. Lokossou et al., 2009; Park, Vleeshouwers, et al., 2005.
R2-like	<i>S. edinense</i>	Mexico	IV	Champouret, 2010; Anoma A. Lokossou et al., 2009; T. H. Park, Vleeshouwers, et al., 2005.
Rpi-edn1.1	<i>S. edinense</i>	Mexico	IV	Champouret, 2010
Rpi-snk1.1	<i>S. schenckii</i>	Mexico	IV	Champouret, 2010
Rpi-snk1.2	<i>S. schenckii</i>	Mexico	IV	Champouret, 2010
Rpi-hjt1.1	<i>S. hjertingii</i>	Mexico	IV	Champouret, 2010
Rpi-hjt1.2	<i>S. hjertingii</i>	Mexico	IV	Champouret, 2010
Rpi-hjt1.3	<i>S. hjertingii</i>	Mexico	IV	Champouret, 2010
Rpi-mcd1	<i>S. microdontum</i>	Argentina	IV	Anoma Akuvi Lokossou, 2010)
Familia R3a				
R3a	<i>S. demissum</i>	Mexico	XI	Huang et al., 2005; (Huang et al., 2004)
Rpi-sto2	<i>S. stoloniferum</i>	Mexico	XI	Champouret, 2010
R4 family				
R4	<i>S. demissum</i>	Mexico	XI	van Poppel et al., 2008; Verzaux, 2010.
Familia Rpi-blb1				
Rpi-blb1, RB	<i>S. bulbocastanum</i>	Mexico	VIII	Song et al., 2003; van der Vossen et al., 2003.
Rpi-sto1	<i>S. stoloniferum</i>	Mexico	VIII	Vleeshouwers et al., 2008
Rpi-pta1	<i>S. stoloniferumg</i>	Mexico	VIII	Vleeshouwers et al., 2008
Familia Rpi-blb2				
Rpi-blb2	<i>S. bulbocastanum</i>	Mexico	VI	van der Vossen et al., 2005
Familia Rpi-vnt1				
Rpi-vnt1.1	<i>S. venturii</i>	Argentina	IX	Pel et al., 2009
Rpi-vnt1.2	<i>S. venturii</i>	Argentina	IX	(Foster et al., 2009)
Rpi-vnt1.3	<i>S. venturii</i>	Argentina	IX	Pel et al., 2009

Al inicio de la infección, *P. infestans* penetra el tejido y transloca efectores intracelulares que funcionan como factores de Avirulencia (*Avr*), los cuales son reconocidos por los genes de Resistencia (*Rpi*) correspondientes, con ello se activa la inmunidad desencadenada por los efectores, ésta se caracteriza por la muerte celular asociada a la reacción de defensa conocida como Reacción de Hipersensibilidad (HR, del Inglés *Hypersensitive response*) (Kamoun et al., 1999).

La raza fisiológica o fenotipo de virulencia se determina mediante la inoculación sobre genotipos diferenciales de papa definidos, cada uno portador de un gen *Rpi* específico, notándose las reacciones compatibles o incompatibles resultantes (Cooke & Lees, 2004).

1.2.4.2. MARCADORES GENOTÍPICOS

1.2.4.2.1. ISOENZIMAS

Las isoenzimas son formas divergentes de una enzima y poseen propiedad enzimática idéntica o parecida, las aloenzimas específicamente son codificadas por el mismo locus; fueron ampliamente utilizados como marcadores en el estudio de genética poblacional para conocer las frecuencias alélicas antes del desarrollo de métodos moleculares basados en el ADN (Cooke & Lees, 2004). Más de 50 isoenzimas específicas han sido identificadas en *P. infestans*, siendo las de mayor polimorfismo Glucosa-6-fosfato isomerasa (GPI) y Peptidasa (PEP) que muestran patrones específicos dependiendo del linaje clonal al que pertenecen (Pérez & Forbes, 2008).

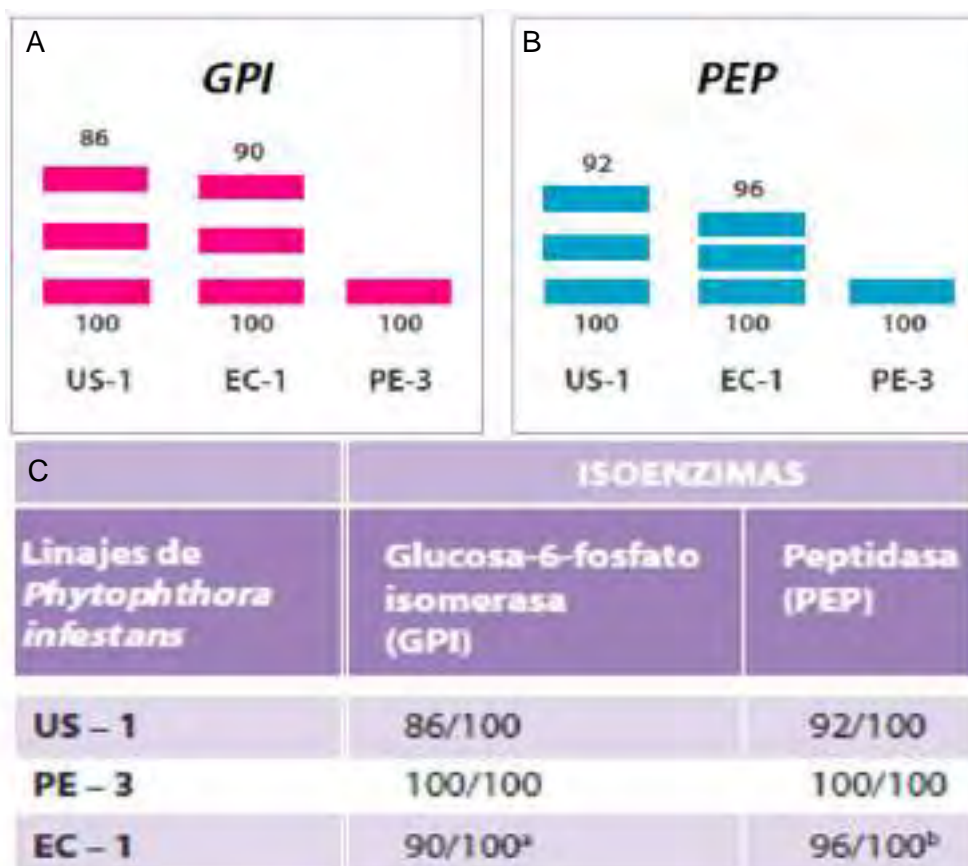


Figura 18: Perfiles isoenzimáticos de Glucosa-6-fosfato isomerasa (GPI) y Peptidasa (PEP) de tres linajes de *P. infestans*, tomado de Pérez y Forbes (2008). A y B: Representación gráfica de la migración electroforética. C: Tabla de valores de los fragmentos observables.

1.2.4.2.2. HAPLOTIPOS MITOCONDRIALES

Los haplotipos mitocondriales (mtADN) son resultado del polimorfismo encontrado a lo largo de fragmentos de restricción provenientes de los productos amplificados a partir del ADN mitocondrial, el cual es transmitido uniparentalmente y es propio de cada genotipo, siendo muy útil como un marcador en la progenie clonal de *P. infestans* (Pérez & Forbes, 2008). La identificación de haplotipos mitocondriales hace posible el estudio de la genética poblacional, líneas descendientes y eventos migratorios, y reconstrucción de la historia pasada debido a que es producto de una única herencia materna que define los haplotipos mitocondriales en este patógeno (Hernández y Gómez, 2005; citado por Alarcón, 2011).

Inicialmente Carter, Archer, Buck, Shaw y Shattock (1990) utilizaron la técnica de RFLPs para determinar 4 haplotipos mitocondriales mediante la digestión del producto amplificado, con las enzimas *MspI* (Ia y Ib) y *HhaI* (IIa y IIb) en 24 aislamientos procedentes de once países.

Luego Griffith y Shaw (1998) diseñaron cuatro pares de cebadores (P1, P2, P3, P4) para amplificar las regiones polimórficas conocidas (Figura 19). La digestión de estos productos amplificados con las enzimas de restricción correspondientes (P1-*CfoI*, P2-*MspI*, P3-*EcoRI*, P4-*EcoRI*) permitió identificar los haplotipos mitocondriales Ia, Ib, IIa y IIb (Figura 20, Tabla 10).

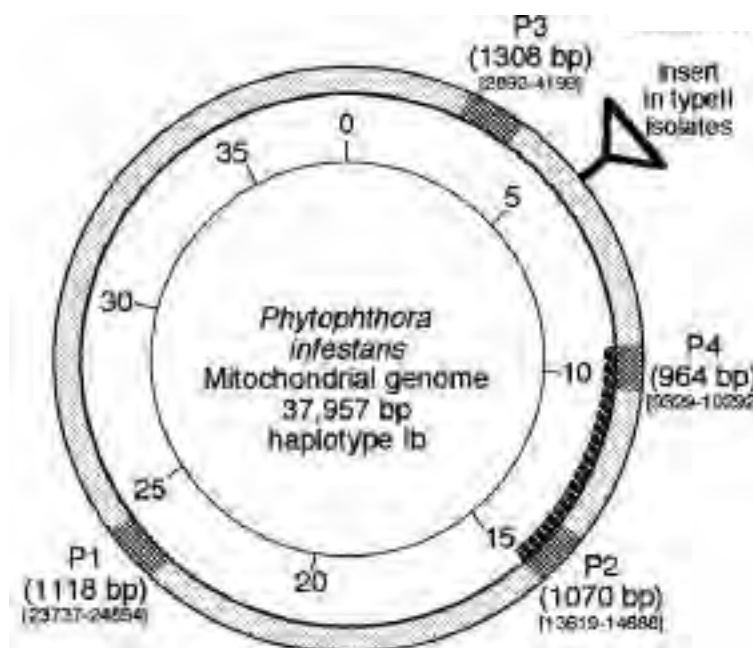


Figura 19: Diagrama de localización de regiones polimórficas del genoma mitocondrial de *P. infestans*, tomado de Griffith y Shaw (1998).

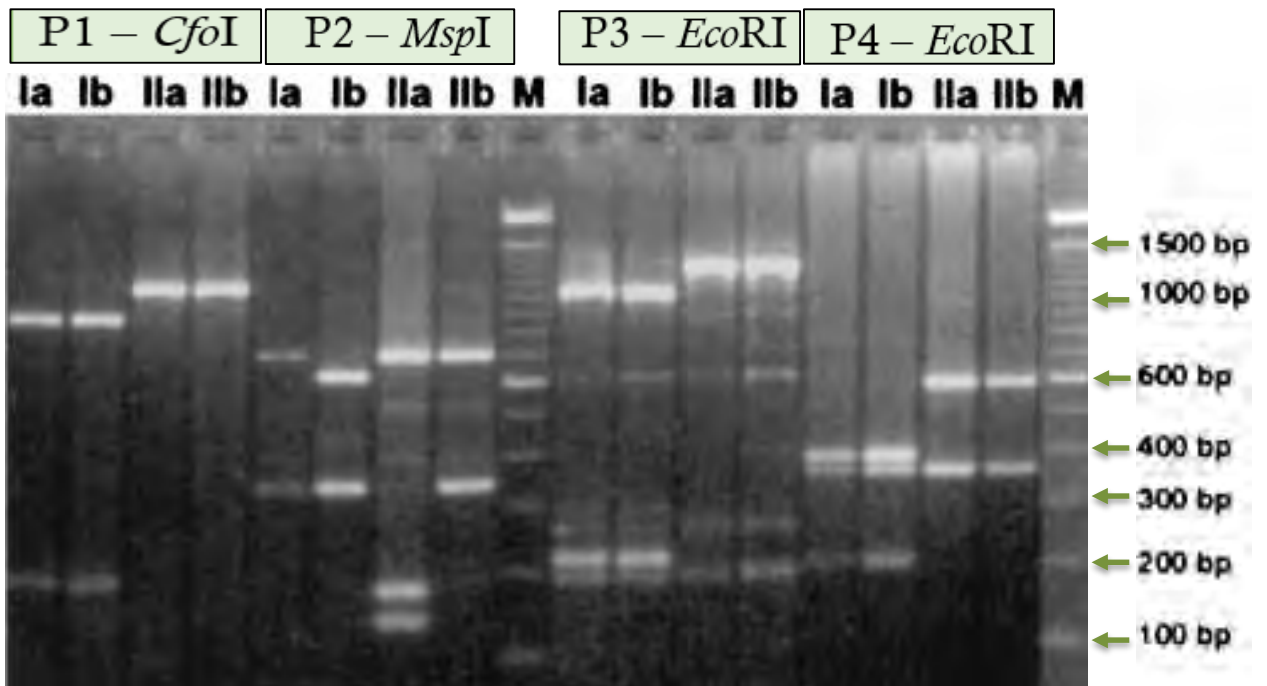


Figura 20: Patrones de migración electroforética de los haplotipos mitocondriales de *P. infestans* (M = marcador de peso molecular), tomado de Griffith y Shaw (1998).

Posteriormente Martin, Zhang, Grunwald y Coffey (2012), identificaron 36 haplotipos diferentes deducidos a partir del análisis de secuencia de cinco loci mitocondriales, los cuales coincidieron con los haplotipos I y II pero exhibieron subgrupos adicionales.

Recientemente Forbes, Gamboa, Lindqvist-Kreuze, Oliva y Perez (2016), describieron el haplotipo mitocondrial Ic (Tabla 10) detectado en la especie *Phytophthora andina* mediante la aplicación de la misma técnica utilizada por Griffith y Shaw (1998).

Tabla 10: Tamaño de los fragmentos de mtADN de linajes de *P. infestans*; adaptado de Griffith y Shaw (1998), ¹Pérez y Forbes (2008), y ²Forbes, Gamboa, Lindqvist-Kreuze, Oliva y Pérez (2016).

Linajes	CEBADOR & ENZIMA mtADN	Fragmentos de los perfiles mtADN			
		P1 - <i>Cfo</i> I	P2 - <i>Msp</i> I	P3 - <i>Eco</i> RI	P4 - <i>Eco</i> RI
PE-3 ¹ , PE-7 ¹ , US-7, US-8	Ia	907 bp, 211 bp	720 bp, 350 bp	1064 bp, 228 bp	387 bp, 361 bp, 209 bp
US-1	Ib		641 bp, 350 bp, 79 bp		
EC-1	IIa	1118 bp	720 bp, 203 bp, 147 bp	1292 bp	596 bp, 361 bp
US-6	IIb		720 bp, 350 bp		
PE-8 ²	Ic		720 bp, 125 bp, 100 bp		748 bp, 209 bp

1.2.4.2.3. RFLP (Restriction Fragment Length Polymorphism)

El polimorfismo en la longitud de los fragmentos de restricción son marcadores dominantes. Este método presenta varias etapas (extracción de ADN, digestión con enzimas de restricción, separación electroforética de bandas en geles de agarosa, transferencia a una membrana sólida, hibridación con la sonda marcada con el isotopo radioactivo o no, autoradiografía para la detección de la señal) por lo que requiere bastante tiempo, así como grandes cantidades de ADN puro (Cooke & Lees, 2004).

La sonda RG57 fue ampliamente usada en la caracterización de diversidad genética de *P. infestans*, así como para la definición y seguimiento de los linajes clonales y su migración. El inserto es de 1 Kb de largo proporciona un patrón de hibridación moderadamente polimórfico constituido de 25 a 29 bandas (Figura 21), existe poca información sobre los loci individuales que componen el patrón de la huella genética, lo que dificulta su interpretación (CIP, 2015).

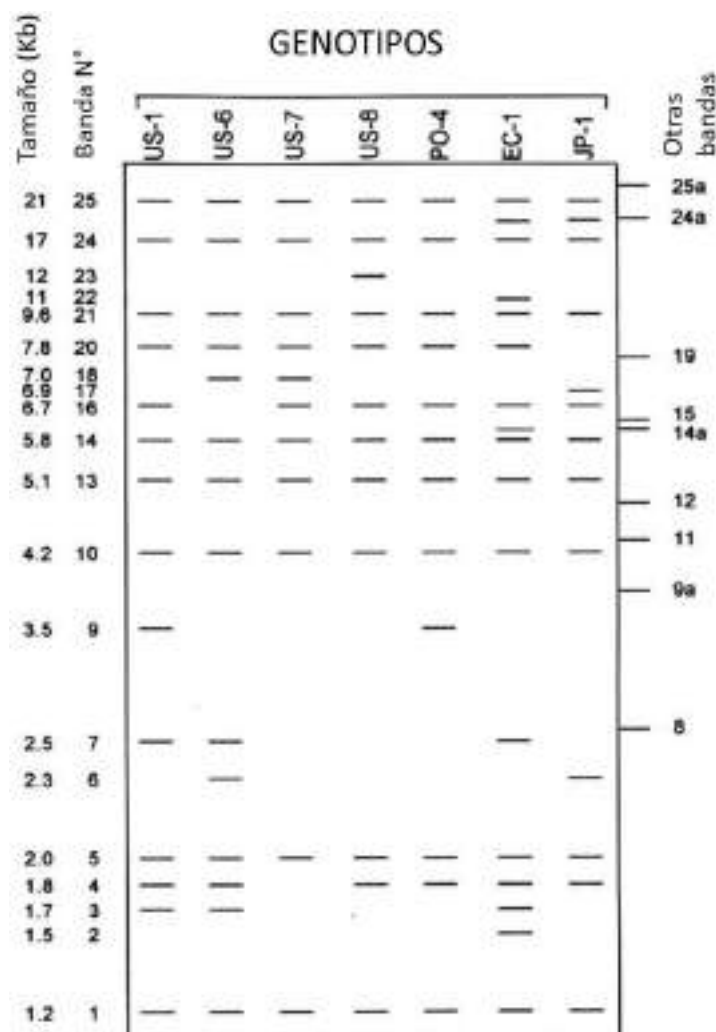


Figura 21: Representación gráfica de la migración electroforética de fragmentos de ADN usando la sonda RG57 para algunos linajes, donde cada banda representa un locus diferente; tomado de Forbes et al. (1998).

1.2.4.2.4. AFLP (Amplified Fragment Length Polymorphism)

El polimorfismo en la longitud de fragmentos amplificados es un marcador multilocus muy potente ya que con ellos se puede obtener muchos loci por combinación de cebadores. Se ha utilizado ampliamente en el mapeo genético y la evaluación de la diversidad intrapoblacional. El método se basa en la amplificación selectiva mediante PCR de fragmentos de restricción de un ADN genómico total digerido cuyos productos serán separados mediante electroforesis en geles de acrilamida. Los datos son dominantes y la estandarización de las huellas del patrón de gel en gel resulta dificultoso incluso dentro de un mismo laboratorio, el método es susceptible a las variaciones de calidad del ADN, demanda lapsos de tiempo largos y grandes cantidades de ADN (Cooke & Lees, 2004).

La técnica de AFLP detecta polimorfismo debido a cambios en las regiones de corte para las enzimas *MseI* y *EcoRI*. Diferentes combinaciones de más de dos iniciadores permiten la amplificación de diferentes subconjuntos de los productos de amplificación iniciales y aumentan la probabilidad de encontrar polimorfismos útiles. También existe una adaptación radioactiva del método (CIP, 2015).

1.2.4.2.5. SSR (Simple Sequence Repeats)

Los marcadores simples de secuencias repetidas o microsatélites son fragmentos cortos de ADN en el que los motivos de 1 a 6 nucleótidos se producen en repeticiones en tándem, están distribuidos de forma densa y frecuente, y exhiben variación sustancial en el número de repeticiones. Generalmente están flanqueados por secuencias conservadas que permiten la amplificación específica de cada microsatélite entre especies. Sirven para el análisis de locus específicos cuya variación se define sin ambigüedades, lo cual facilita las comparaciones entre laboratorios y aislamientos individuales. En áreas del genoma con altas tasas de mutación hay un amplio rango de número de repeticiones encontradas entre individuos de una población, esta secuencia con un número específico de repeticiones nucleotídicas es designado como alelo (Cooke & Lees, 2004).

Son marcadores codominantes, el ensayo está basado en la PCR y requiere pequeñas cantidades de ADN, pudiendo analizar desde esporas hasta una sección de hoja infectada, obviando la necesidad del aislamiento. Un solo par de iniciadores son capaces de generar productos de diferentes tamaños para cada individuo (Cooke & Lees, 2004).

Knapova, Tenzer, Gessler y Gisi (2001) desarrollaron marcadores microsatélites específicamente para *P. infestans*, utilizando la librería genómica del patógeno enriquecida con la secuencia simple repetida (CT)_n. De los seis microsatélites seleccionados, tres (*Pi4B*, *Pi4G*, *PiG11*) manifestaron el mayor polimorfismo (Knapova & Gisi, 2002). Posteriormente, Lees et al. (2006) y Cooke, Lees, Anderson y Bakonyi (2006) desarrollaron un método de PCR múltiple utilizando conjuntamente 12 pares de cebadores previamente identificados (*4B*, *G11*, *D13*, *Pi02*, *Pi04*, *Pi16*, *Pi33*, *Pi56*, *Pi63*, *Pi66*, *Pi70*, *Pi89*) que produjeron un único producto identificable y polimórfico. Este método fue mejorado a través del marcaje con fluorescencia del cebador delantero (Li et al., 2010) según se observa en tabla 11.

Tabla 11: Marcadores microsatélites para *P. infestans*, previamente reportados por b: Knapova y Gisi (2002), c: Lees et al. (2006), d: Lees et al. (2006), e: Li et al. (2010); adaptado de Li et al., (2013).

Locus SSR	Fluorescencia	Rango de tamaño del producto amplificado (pares de bases)	Secuencia del cebador
<i>PiG11</i> ^b	NED	130-180	FwdNED-TGCTATTTATCAAGCGTGGG Rev-GTTTCAATCTGCAGCCCTAAGA
<i>Pi02/PinfSSR3</i> ^{c-d}	NED	255-275	FwdNED-ACITGCAGAACTACCGCCC Rev-GTTTGACCACCTTCTCGGTTT
<i>PinfSSR11</i> ^e	NED	325-360	FwdNED-TTAAGCCACGGACATGAGCTG Rev-GTTTACACAATTGTTTGTGGTGGC
<i>D13</i> ^c	FAM	100-185	FwdFAM-TGCCCCCTGCTCCTC Rev-CCTCGAATTCATTTACAGACTTG
<i>PinfSSR8</i> ^c	FAM	250-275	FwdFAM-AATCTGATCCCAACTGAGGG Rev-GTTTACAAGATAACACGTCGCTCC
<i>PinfSSR4</i> ^c	FAM	280-305	FwdFAM-TCTTGTTCGAGTATGGGACG Rev-GTTTACATTCGGGAGAAAGGCTTC
<i>Pi04</i> ^b	VIC	160-175	FwdVIC-AGCCGCTTACCGATGG Rev-GTTTCAAGCCGCTGTTTCGAC
<i>Pi70</i> ^b	VIC	185-205	FwdVIC-ATGAAAATACGTCATGCTCG Rev-CGTTGGATATTTCTAATTCCTCG
<i>PinfSSR6</i> ^c	VIC	230-250	Fwd-GTTTTGGTGGGGCTGAAGTTT RevVIC-TCGCCACAAGATTAATCCG
<i>Pi63</i> ^c	VIC	265-280	FwdVIC-ATGACGAAGATGAAAGTGAGG Rev-CGTATTTCTCTGTATCTAACACC
<i>PinfSSR2</i> ^c	PET	165-180	FwdPET-CGACTTCTACATCAACCCGC Rev-GTTTGTGGACTCGGCTCTTAGC
<i>Pi4B</i> ^b	PET	200-295	FwdPET-AAATAAAGCCTTGTGTTCA Rev-GCAAGCCGAGGTTTGTAGATT

Asimismo, la optimización de concentraciones de los cebadores (*D13*, *Pi02/PinfSSR3*, *Pi04*, *Pi4B*, *PiG11*, *Pi63*, *Pi70*, *PinfSSR2*, *PinfSSR4*, *PinfSSR6*, *PinfSSR8*, *PinfSSR11*) y el uso de la terminación "GTTT" en el extremo 5' del cebador reverso (Tabla 11), fueron cruciales para estandarizar la PCR múltiple ideal que propicie la detección y medición automática de numerosos alelos en diferentes loci al mismo tiempo a través de un sistema de electroforesis capilar, basándose en la fluorescencia para realizar un genotipado rápido, preciso y rentable (Li, Cooke, Jacobsen & van der Lee, 2013).

El genotipado con SSR de poblaciones emergentes o reemergentes de *P. infestans* que causan epidemias permite determinar si las poblaciones recién genotipadas comparten ascendencia con las caracterizadas anteriormente, y determinar si las poblaciones actuales contienen los mismos linajes clonales previamente reportados (Grünwald y Goss, 2011).

1.2.4.2.6. SNP (Single Nucleotide Polymorphism)

Son polimorfismos de un único nucleótido, estas diferencias de pares de bases en el ADN son resultado de mutaciones puntuales como sustituciones, inserciones o deleciones; a diferencia de los SSR, no están limitados a las regiones de repetición en tándem y los ensayos se pueden basar en el SNP específico responsable de la sustitución de aminoácidos en una proteína funcional, resultando de vital importancia en la supervisión directa de la frecuencia de los alelos funcionales (el loci que confiere la virulencia) (Cooke & Lees, 2004).

CAPITULO II

MATERIALES Y MÉTODOS

2.1. ÁREA GEOGRÁFICA DE ESTUDIO

Considerando las áreas de producción nacional de papa de 2015 (MINAGRI – SIEA, 2015), los antecedentes de investigación (Tooley et al., 1989; Pérez et al., 2001; Garry et al., 2001 y 2005) y, principalmente, los reportes de tizón tardío producidos durante los años 2016 y 2017; se seleccionaron nueve departamentos en los cuales se eligieron 20 provincias distribuidas a lo largo de los Andes Peruanos del Norte, Centro y Sur (Figura 22).

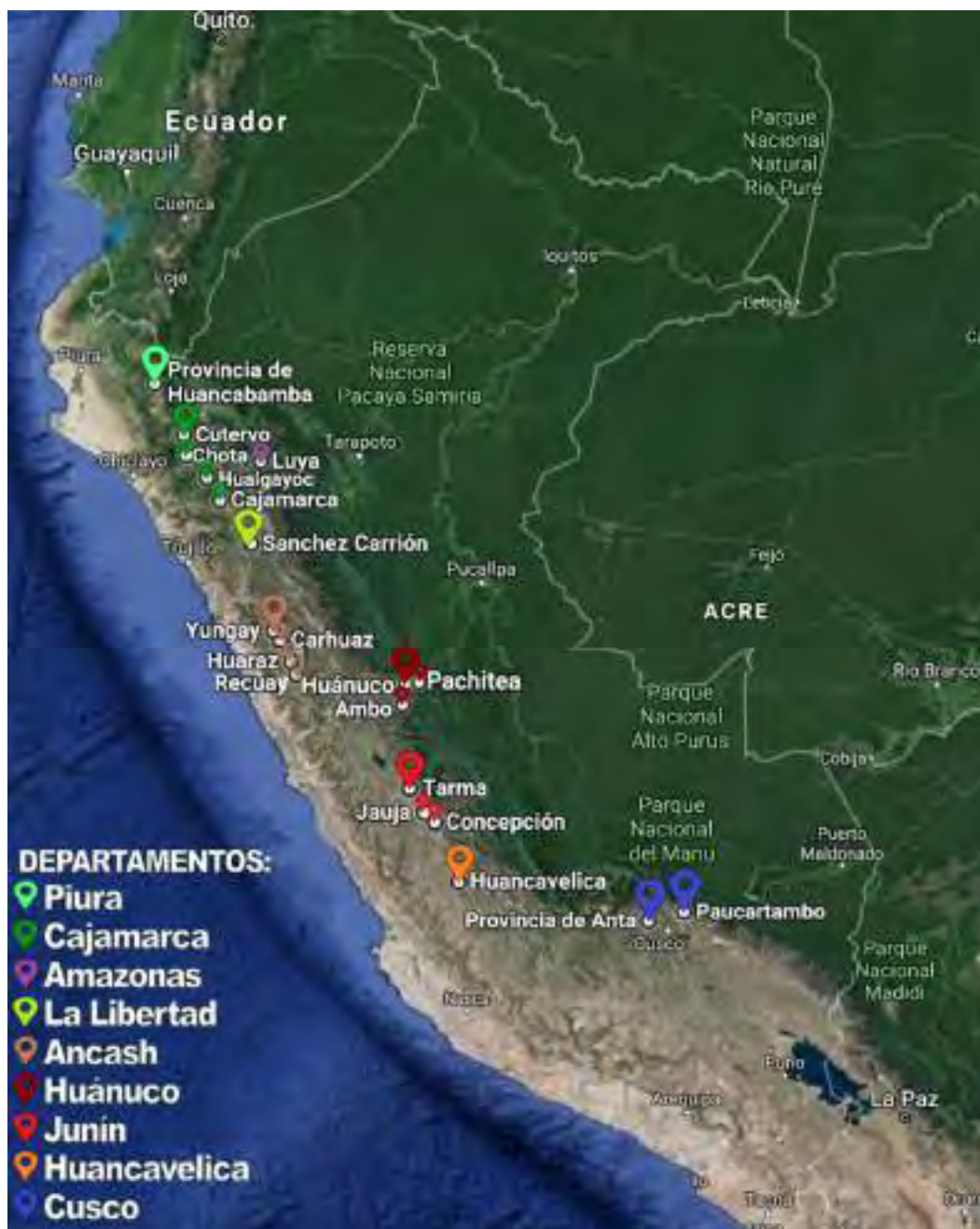


Figura 22: Área geográfica de estudio a lo largo de los Andes Peruanos.

2.2. MATERIALES

2.2.1. MATERIAL BIOLÓGICO

- **Muestras de *Phytophthora infestans*** (aislamientos miceliales y ADN colectado en tarjetas FTA) obtenidas de tejidos foliares de papa cultivada (*Solanum tuberosum* L.) que manifestaron la sintomatología característica del tizón tardío.

- **Aislamientos control** proporcionados por los Laboratorios de Micología y Patología Molecular del Centro Internacional de la Papa (Tabla 11) que, al ser de características genotípicas y fenotípicas conocidas, sirvieron de testigo y referencia para la caracterización de las muestras.

CODIGO	TIPO DE APAREAMIENTO	mtADN	LINAJE CLONAL	ESPECIE
PPU103	A1	lb	US-1	<i>P. infestans</i>
POX067	A1	lla	EC-1	<i>P. infestans</i>
PCZ007	A1	la	PE-3	<i>P. infestans</i>
PCA023	A1	lla	PE-7	<i>P. infestans</i>
POX119	A2	lc	PE-8	<i>P. andina</i>

Tabla 12: Características genotípicas, fenotípicas y especie hospedera de los aislamientos control.

- **Plantas Diferenciales** de papa portadoras de los 11 genes de resistencia mayor (R) conocidos a partir de *Solanum demissum*, proveídas por el laboratorio de Micología del Centro Internacional de la Papa: R1 (*CEBECO-43154-5; CIP 800986*), R2 (*CEBECO 44158-4; CIP 800987*), R3 (*CEBECO-4642-1; CIP 800988*), R4 (*CEBECO-4431-5; CIP 800989*), R5 (*Black 3053-18; CIP 800990*), R6 (*Black XD2-21; CIP 800991*), R7 (*Black 2182ef(7); CIP 800992*), R8 (*Black 2424ef(5); CIP 800993*), R9 (*Black 2573; CIP 800994*), R10 (*Black 3618ad(1); CIP 800995*), R11 (*Black 5008ab(6); CIP 800996*); y también plantas de la variedad Yungay conocida por su susceptibilidad a *P. infestans*.

2.2.2. MATERIAL DE LABORATORIO:

EQUIPOS:

- Balanza analítica (Sartorius)
- Biotrón o Cámara de crecimiento (Hettich)
- Bomba de vacío (Rocker, R300)
- Cabina de flujo laminar (Probiotec)
- Cámara electroforética (Cleaver)
- Incubadora
- Incubadora con luz
- Incubadora de Baño María
- Incubadora de oscuridad

- Microcentrífuga (Eppendorf)
- Microscopio óptico
- Refrigerador
- Sistema aséptico de 47 mm Sterifil (Millipore, XX1104700)
- Termo de nitrógeno líquido
- Termociclador (Verity)
- Vórtice

REACTIVOS:

- Agarosa ultrapura
- Agarosa ultrafina de alta resolución
- Agar en Polvo (Sigma, A-7002)
- Alcohol 96°
- Solución amortiguadora TE 0.1
- Etanol al 75 %
- Enzima polimerasa de ADN GoTaq Flexi 2500u (Promega)
- Formamida Hi-Di (Applied biosystems)
- Gel de tinción de ácidos nucleicos GelRed 10,000X en agua (Biotium)
- Isopropanol
- Kit de extracción de AND DNeasy Plant Mini Kit (QIAGEN)
- Kit para PCR multiplex Type-It Microsatellite PCR kit (QIAGEN, cat. No. 206243)
- Marcador de peso molecular Genescan 500LIZ (ThermoFisher)
- Marcador de peso molecular 1 Kb (Invitrogen)
- Medio Agar – Agua (1.5 %)
- Medio RYE A (Agar – Centeno 60 gr/L) y B (con β -sitosterol)
- Medio líquido de Caldo de arveja
- Medio V8 (con jugo V8 al 15 %)
- Medio V8 clarificado al 10 %
- Medio V8 con diferentes concentraciones de Metalaxyl (0, 5, 50, 100 ppm).
- Nitrógeno líquido
- Reactivo de purificación para tarjetas FTA (Whatman)
- Set de dinucleósidos trifosfato dNTPs (Promega)
- Solución amortiguadora de extracción de ADN
- Solución amortiguadora TE
- Solución de Criopreservación de Dimetilsulfóxido (DMSO) al 15 %.
- Solución de carga

CONSUMIBLES Y OTROS:

- Agua destilada
- Agujas de siembra
- Alambre forrado de 8" Qwik-Ties
- Alcohol rectificado 96%
- Bisturí
- Bolsa plástica de polietileno para autoclavar
- Cámaras húmedas

- Cinta de sellado Parafilm
- Crioviales
- Cuchillo
- Envase de cierre hermético
- Espátulas
- Esponja de coco
- Fósforos
- Gasa (Cheesecloth)
- Guantes de nitrilo
- Lámina portaobjetos
- Lápiz
- Mechero
- Filtro tejido de malla nylon de 10 um Spectra (Spectrum, 146514)
- Micropipeta
- Micropunch (1.2 mm – 2.0 mm)
- Pañuelo de triple hoja
- Papel filtro Wathman (#1 y #2)
- Papel Toalla Fardo
- Pilon
- Pinzas
- Pipeta (10 mL)
- Pipeta Pasteur de vidrio de 150 mm (Flint Glass)
- Pissetas
- Placas Petri de plástico
- Porta y cubre objetos de pyrex
- Puntas de micropipeta (Natural, T200, T250, T300, T400, T1000)
- Regla de medida
- Rotulador indeleble
- Sacabocado
- Sellador Parafilm
- Silicagel
- Sistema de Filtro Millipore Merck
- Tarjetas de muestreo FTA con dos áreas de muestreo (Whatman)
- Tijeras
- Microtubos de 0.6, 1.5 ml y 2 ml (Eppendorf)
- Tubos de 0.2 ml y tapas con domos, para PCR en strips de 8 (Axigen)
- Vaguetas de vidrio
- Vaso de precipitados
- Viales de vidrio (25 ml)

2.2.3. MATERIAL DE INVERNADERO, CAMPO Y/O GABINETE

- Caja térmica de tecnopor
- Fertilizante soluble NPK (20-20-20 + elementos menores) (Grow-more)
- Macetas de Polietileno #3
- Sensores de temperatura y humedad (HoBo)
- Sustrato premier Sogemix Sm-2 3.8 cft (Pro Mix)
- Sustrato premier Peat moss (Pro Mix)

2.3. MÉTODOS

2.3.1. LUGAR DE EJECUCIÓN

Esta investigación se realizó en los laboratorios de Micología y Patología Molecular del Centro Internacional de la Papa (CIP), en la Estación Experimental La Molina, Lima – Perú; siendo financiada en su totalidad por el Proyecto Nacional de Innovación Agraria PNIA-10469-2015. Los protocolos descritos a continuación están contemplados en el manual del CIP (2015).

2.3.2. MUESTREO Y COLECTA DE MATERIAL VEGETAL INFECTADO

El muestreo se desarrolló en 117 campos de cultivo de papa que manifestaban la sintomatología característica del tizón tardío provocado por *P. infestans*, entre los 1844 y 4125 metros de altitud (Tabla 13). Se realizó un muestreo aleatorio simple en 1 a 5 puntos diferentes en cada campo, por cada punto se colectaron 2 muestras de tallo y/o foliolo infectado con una única lesión, las muestras se guardaron en placas Petri invertidas que contenían medio agar – agua al 1.5% para su conservación a corto plazo (Figura 24), se selló y rotuló la placa para ser transportada en una caja térmica por un periodo de 3 a 5 días, logrando coleccionar 701 muestras en total (Tabla 13). Se tomaron los datos georreferenciales de latitud, longitud y altitud de cada punto muestreado (Anexo 1).

Las muestras colectadas fueron identificadas mediante un código informativo de 4 partes (Figura 23): 1) “P” de *P. infestans*; 2) Procedencia (Amazonas: AM, Ancash: AN, Cajamarca: CA, Cusco: CZ, Huancavelica: HCA, Huánuco: HU, Junín: JU y CO, La Libertad: LL, Piura: PI); 3) Número de orden; y 4) Metodología de obtención de material biológico de trabajo (A: aislamiento, F: tarjeta FTA).

El código de identificación de muestras es PAN23F. Las partes del código están numeradas como sigue: 1) 'P', 2) 'AN', 3) '23', y 4) 'F'.

Figura 23: Código de identificación de muestras, donde 1) “P” de *P. infestans*; 2) “AN” de Ancash; 3) “23” por ser la muestra 23 en orden de colecta; y 4) “F” por ser colectada en tarjeta FTA.

En la Figura 25 se presenta el flujograma correspondiente a los métodos utilizados en el laboratorio para el aislamiento, conservación, obtención de ADN y caracterización de las muestras colectadas.



Tabla 13: Altitud a la que se realizó la colecta, y cantidad de campos y muestras colectadas por departamento.

Departamento (m.s.n.m.)	Campos	Muestras
Amazonas (2274 – 2915)	10	71
Ancash (2875 – 3864)	18	84
Cajamarca (2707 – 3680)	10	67
Cusco (3005 – 4125)	11	52
Huancavelica (3607 – 4078)	10	128
Huánuco (3542 – 3274)	11	73
Junín (2530 – 3957)	19	121
La Libertad (3220 – 3700)	4	35
Piura (1844 – 3212)	24	70
TOTAL	117	701

Figura 24: Metodología del muestreo de tejido vegetal infectado. Fotos de A. Astete.

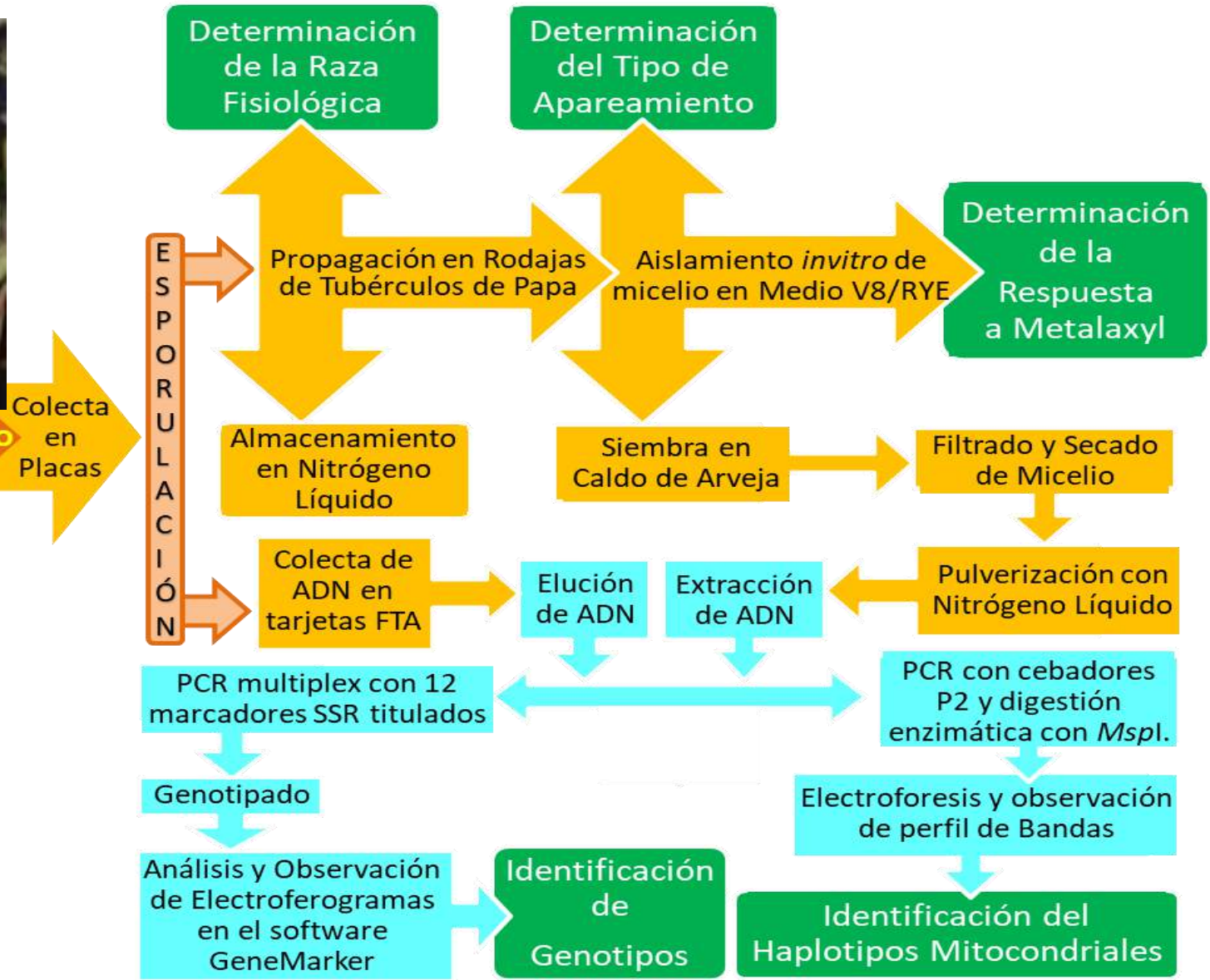


Figura 25: Flujograma de métodos utilizados para: ■ Obtención de material biológico, ■ Procesos moleculares y ■ Caracterización de muestras.

2.3.3. AISLAMIENTO Y PROPAGACIÓN DE MICELIO (Pérez et al., 2001)

De las 701 muestras colectadas, se eligieron 213 individuos representativos por punto, campo, hospedero y departamento, para ser aislados y propagados *in vitro* con el fin de realizar la caracterización fenotípica. En adelante nos referiremos a ellos como “aislamientos”.

- 1° La muestra contenida en la placa Petri fue colocada en la cámara de crecimiento a un fotoperiodo de 12 horas luz por día, entre 15 °C y 18 °C, durante 3 a 5 días para promover la esporulación.
- 2° Se lavó la lesión con agua destilada a presión usando una piseta, para obtener la suspensión de esporangios.
- 3° Se filtró la suspensión micelial a través de una capa doble de gasa y luego a través de una membrana de nylon de 10 µm mediante el sistema de filtros Millipore, con ayuda de una bomba de vacío.
- 4° Se colectó la suspensión de esporangios retenida en la membrana de 10 µm.
- 5° Se diluyó o concentró la suspensión a 10 – 20 esporangios por campo de observación (10X), según fue necesario.
- 6° Se inoculó 20 µL de la suspensión de esporangios por rodaja de papa y se dejó incubar a 18 °C y fotoperiodo de 12 horas luz por 5 a 7 días en cámaras húmedas.
- 7° Se transfirió asépticamente el micelio crecido en las rodajas de papa a medios de cultivo específicos (V8, RYE B) en placas Petri para obtener aislamientos.
- 8° Se incubaron los cultivos a 18 °C en oscuridad para promover el desarrollo del aislamiento.
- 9° Luego de 5 días se evaluó el crecimiento del micelio y se repicó sucesivamente en V8 hasta obtener aislamientos de micelio puro.
- 10° Para su mantenimiento, el aislamiento se propagó en placas de RYE A mensualmente.

2.3.4. CONSERVACIÓN Y ALMACENAMIENTO DE ESPORANGIOS (Pérez et al., 2001)

Los 213 aislamientos obtenidos fueron conservados y almacenados.

- 1° Se colectó la suspensión de esporangios retenida en la membrana de 10 µm.
- 2° Se diluyó o concentró la suspensión de esporangios a 10 – 20 esporangios por campo de observación (10X), según fue necesario.

- 3° Se inoculó 20 µL de la suspensión de esporangios por rodaja de papa, y se dejó incubar a 18 °C y fotoperiodo de 12 hrs por 5 a 7 días en cámaras húmedas (2).
- 4° Se lavó los esporangios de la lesión con agua destilada a presión usando una piseta.
- 5° Se filtró la suspensión micelial a través de una capa doble de gasa y luego a través de una membrana de nylon de 10 µm mediante el sistema de filtros Millipore, con ayuda de una bomba de vacío.
- 6° Se concentró la suspensión de esporangios retenida en la membrana de 10 µm, en 2 ml de solución criopreservante de DMSO al 15%.
- 7° Se colocó la suspensión esporangial en un Criovial y se llevó a conservar en el tanque de nitrógeno líquido.

2.3.5. COLECTA DE ADN EN TARJETAS FTA (Euroblight, 2013)

De las 701 muestras colectadas, 488 no fueron aisladas ya que su ADN fue colectado en tarjetas FTA para realizar su caracterización genotípica exclusivamente.

- 1° La muestra contenida en la placa Petri fue expuesta a luz fluorescente durante la noche posterior a su colecta, para promover la esporulación.
- 2° Se seleccionó el área de esporulación joven y fresca en el límite de la lesión en el tejido vegetal infectado y sano, y se cortó una sección de 1 – 2 cm² del tejido.
- 3° Se colocó el envés esporulante del tejido seccionado sobre la matriz circular FTA.
- 4° Se aplicó presión sobre la muestra a través de la cubierta anterior con el pilón evitando daños en la matriz; el proceso se completó cuando el extracto foliar verde fue visible en el reverso de la matriz y se removieron los residuos foliares de la tarjeta.
- 5° Se rotuló la muestra y se dejó secar la tarjeta FTA para guardar en cubiertas de papel o bolsas ventiladas para su transporte, o un envase de silicagel para su conservación a largo plazo.

2.3.6. OBTENCIÓN DE ADN

2.3.6.1. EXTRACCIÓN DE ADN A PARTIR DE MICELIO (Pérez et al, 2001)

Los 213 aislamientos fueron cultivados en caldo de arveja para obtener el micelio a partir del cual se extrajo su ADN.

- 1° Se transfirió el micelio de 2 semanas de edad desde el medio de cultivo V8 a medio de cultivo líquido de Caldo de Arveja en placas Petri e incubar durante 8 a 10 días, a 16 °C en oscuridad.
- 2° Se separó el micelio del medio líquido usando el sistema de filtros Millipore con una capa de papel filtro # 2 y con ayuda de una bomba de vacío.
- 3° Se colectó el micelio en una doble cubierta de papel filtro # 1 rotulado y se sumergió en Silicagel dentro de un envase cerrado a temperatura ambiente por 1 – 2 semanas, cambiando el silicagel hasta deshidratar completamente la muestra.
- 4° Se colocó el micelio en un vial de 25 mL y se pre-enfrió la muestra añadiendo 5 – 10 mL de nitrógeno líquido.
- 5° Se trituró el micelio con una vagueta hasta obtener un polvo completamente fino que se refrigeró a –20 °C.
- 6° Se extrajo el ADN haciendo uso del Qiagen DNeasy Plant Mini Kit cat. No. 69104.
- 7° Se verificó la calidad y concentración de ADN mediante electroforesis en gel de agarosa al 1 % y espectrofotometría.
- 8° Se diluyó el ADN a 10 ng/μL y 5 ng/μL para la caracterización genotípica.

2.3.6.2. ELUCIÓN DE ADN A PARTIR DE TARJETAS FTA

El ADN de las 488 muestras colectadas en FTA se eluyó usando el “Whatman FTA Protocol BD08: Preparing an FTA Disc for DNA Analysis” modificado. En adelante nos referiremos a ellas como “eluidos”.

- 1° Se cortó un disco de la matriz de la tarjeta utilizando el micropunch de 6 mm de diámetro y se colocó en un microtubo de 1.5 mL.
- 2° Se lavó 2 veces, con 400 μl del Reactivo de purificación para tarjetas FTA: Se mezcló en el vórtice y se incubó a temperatura ambiente 4 minutos.
- 2° Se descartó el líquido con una pipeta y se conservó el disco.
- 3° Se realizó un segundo lavado 2 veces, con 400 μl de solución amortiguadora TE-1 (10 mM Tris, 0.1 mM EDTA) de similar manera.
- 4° Se transfirió el disco a un microtubo de 0.5 ml con 80 μl de TE (10 mM Tris, 1 mM EDTA).
- 5° El disco se dejó incubando en la solución amortiguadora por 5 minutos a 95 °C.
- 6° Se dejó enfriar a temperatura ambiente.
- 7° Se almacenó a -20 °C. Este ADN eluido se usó para la caracterización genotípica.

2.3.7. CARACTERIZACIÓN FENOTÍPICA

2.3.7.1. DETERMINACION DEL TIPO DE APAREAMIENTO (Pérez et al, 2001)

Los 213 aislamientos fueron caracterizados respecto a su tipo de apareamiento.

- 1° Se sembró un trozo de medio de cultivo con micelio en crecimiento activo (7 – 15 días de edad) del aislamiento de tipo de apareamiento desconocido, equidistante y frente a otro trozo perteneciente al aislamiento control de tipo de apareamiento conocido (PPU-103 del tipo A1 ó POX-109 del tipo A2) en medio de cultivo V8 clarificado.
- 2° Adicionalmente se sembraron los controles frente a sí mismos: A1 – A1, A2 – A2, A1 – A2, para comprobar su fidelidad.
- 3° Se dejó incubar en completa oscuridad a 18 °C durante dos semanas.
- 4° Se evaluó la frontera entre micelios en el microscopio (4X, 10X) en búsqueda de esporangios, oosporas, anteridios y oogonios. Aquellos aislamientos que generaban oosporas con el testigo A1 se identificaron como aislamientos del tipo A2, si por el contrario hubo formación de oosporas frente al testigo A2, se clasificaron como tipo A1.

2.3.7.2. DETERMINACIÓN DE LA RESPUESTA A METALAXYL (Pérez et al. 2001)

Se determinó la respuesta a metalaxyl de los 213 aislamientos.

- 1° Se prepararon 3 tratamientos de V8 que contenían Metalaxyl en las concentraciones de 5 ppm, 50 ppm, 100 ppm; y un tratamiento control sin Metalaxyl.
- 2° Se sembró un trozo de medio con micelio en crecimiento activo (7 – 15 días de edad) del aislamiento en prueba en el centro de la placa con medio de cultivo para cada tratamiento y se selló.
- 3° Se sembraron dos placas por tratamiento para cada aislamiento y se dejó incubar a 18 °C en oscuridad durante 2 semanas.
- 4° Se evaluó el crecimiento comparativamente: Se midió el diámetro del micelio desarrollado desde dos ángulos diferentes y de ambas placas para obtener un promedio para cada ensayo. Luego se obtuvieron los porcentajes respecto al crecimiento micelial sobre el tratamiento control. Los aislamientos se consideraron resistentes (R) si el crecimiento micelial sobre el medio de cultivo con metalaxyl a 100 ppm era mayor al 40 % del crecimiento alcanzado en las placas de control,

moderadamente resistentes (MR) si el crecimiento en 5 ppm es mayor al 40 % del micelio crecido en el control y menor al 40 % del crecimiento a 100 ppm, y sensibles (S) si a 5ppm el crecimiento es menos al 40 % del crecimiento sobre el medio de control.

2.3.7.3. DETERMINACIÓN DE LA RAZA FISIOLÓGICA (Pérez et al, 2001)

De los 213 aislamientos se seleccionó un subgrupo de 142 representativos (Anexo 2) para realizar la determinación de la virulencia.

- 1° Se seleccionaron folíolos provenientes del tercio medio de plantas diferenciales de papa que poseían 11 genes de resistencia mayor (R1, R2, R3, R4, R5, R6, R7, R8, R9, R10, R11) conocidos a partir de *Solanum demissum*, y del control susceptible *S. tuberosum* variedad Yungay, con 6 a 8 semanas de edad (45 – 60 días).
- 2° Una vez lavados con agua destilada estéril y secos, se colocó un folíolo de cada variedad diferencial en una placa diferente con agar – agua al 1.5 %.
- 3° La concentración inicial de la suspensión esporangial se calculó utilizando la cámara de Fuchs & Rosenthal: Se realizó un conteo de esporangios en los campos superior e inferior, cada uno compuesto de 16 cuadrantes, y con el promedio obtenido entre ambos se halló la Cantidad de esporangios por mL usando la fórmula:

$$\text{N}^\circ \text{ Esp/ml} = [(\text{N}^\circ \text{ EspSup} + \text{N}^\circ \text{ EspInf})/2] \times 300$$

Donde:

N° Esp/ml: Número de esporangios por mililitro

N° EspSup: Número de esporangios en el campo superior

N° EspInf: Número de esporangios en el campo inferior

- 4° La concentración final de la suspensión esporangial se ajustó a 3000 esporangios/ml para ser utilizada como inóculo.
- 5° Se inoculó el envés de cada folíolo con una gota de 20 µl de inóculo y se incubaron a 18 °C en oscuridad durante las primeras 24 horas.
- 6° Durante los 5 días siguientes los folíolos se incubaron a 18 °C, a un fotoperiodo de 12 horas luz.
- 7° Los folíolos se evaluaron al sexto día de la inoculación. La raza fisiológica de cada aislamiento se determinó de acuerdo a las reacciones de compatibilidad específica que exhibieron los folíolos portadores de genes *R* con su respectivo gen de virulencia recesivo *avr*, que se manifestó como la enfermedad.

2.3.8. CARACTERIZACIÓN GENOTÍPICA

2.3.8.1. IDENTIFICACIÓN DEL HAPLOTIPO MITOCONDRIAL (Griffith & Shaw, 1998)

De los 488 eluidos de ADN, se seleccionó un subgrupo de 71 representativos para ser caracterizados respecto a su haplotipo mitocondrial sumados a los 213 aislamientos.

1° Se preparó el master mix correspondiente a los cebadores P2:

REACTIVOS	CONCENTRACION INICIAL	CONCENTRACION FINAL
H ₂ O esteril		Enrazar a 25µm
Buffer	10X	1X
BSA	10 ng/µl	160 ng/ml
dNTPs	10 Mm	200 µm
Cebador Delantero (Forward) – f	5 µM	0.34 µM
Cebador Inverso (Reverse) – r	5 µMf	0.34 µM
Taq Polimerasa	5 U/µm	1 U
ADN	5 ng/µm	5 ng

2° Se dispensó 24 µl de master mix en el tubo de PCR y se adicionó 1µl de ADN. Se mezcló y centrifugó.

3° Se amplificó bajo las siguientes condiciones:

ETAPA	Denaturación inicial	Denaturación	Hibridación	Extensión	Extensión final
TIEMPO	90sec	40sec	60sec	90sec	120sec
TEMP.	94°C	94°C	55°C	72°C	72°C
CICLOS	1	40			1

4° Se digirió 5 µl del producto de amplificación con una unidad de la enzima de restricción *MspI*.

REACTIVO	CONCENTRACION INICIAL	CONCENTRACION FINAL
H ₂ O		Enrazar a 15µL
Buffer de Restricción	10X	1X
<i>MspI</i>	200U	1U

5° Se dejó incubar 12 horas a 37°C.

6° Los fragmentos de los productos amplificados digeridos fueron separados mediante electroforesis en gel de agarosa al 2 % a 70 voltios por 90 minutos, utilizando el marcador de peso molecular de 100 bp.

7° Se visualizó y fotografió el gel producto de la electroforesis en un transluminador UV a 254 nm.

8° Se evaluó el perfil de bandas obtenido para determinar el haplotipo mitocondrial en función de los fragmentos de cada perfil genético característico de los aislamientos control: Ia) 720 bp y 350 bp; Ib) 641 bp, 350 bp y 79 bp; IIa) 720 bp, 203 bp y 147 bp; Ic) 720 bp, 125 bp y 100 bp.

2.3.8.2. IDENTIFICACIÓN DEL GENOTIPO SSR (Li et al., 2012)

Se determinó el genotipo de las 701 muestras (213 aislamientos y 488 eluidos de ADN) mediante la amplificación de 12 regiones microsatélite que posteriormente fueron genotipadas. Los productos amplificados fueron visualizados en los electroferogramas resultantes del proceso de genotipado.

1° Se preparó el stock 10X Mix del multiplex de los 12 pares de cebadores para un volumen final de 400 μL ; teniendo en cuenta que la concentración del stock (concentración inicial) de cada uno fue de 100 μM , la concentración final requerida de cada cebador se especifica en la Tabla 12.

Tabla 14: Concentración inicial y final de los 12 pares de marcadores SSR, y su volumen requerido para el Mix 10X.

MULTIPLEX DE CEBADORES				MULTIPLEX DE CEBADORES			
CEBADOR	[INICIAL]	Volumen	[FINAL]	PRIMER	[INICIAL]	Volumen	[FINAL]
PiG11f	100 μM	2 μL	0.5 μM	PinfSSR6f	100 μM	2 μL	0.5 μM
PiG11r	100 μM	2 μL	0.5 μM	PinfSSR6r	100 μM	2 μL	0.5 μM
Pi02f	100 μM	2 μL	0.5 μM	Pi63f	100 μM	2 μL	0.5 μM
Pi02r	100 μM	2 μL	0.5 μM	Pi63r	100 μM	2 μL	0.5 μM
PinfSSR11f	100 μM	2 μL	0.5 μM	PinfSSR2f	100 μM	2 μL	0.5 μM
PinfSSR11r	100 μM	2 μL	0.5 μM	PinfSSR2r	100 μM	2 μL	0.5 μM
PinfSSR4f	100 μM	2 μL	0.5 μM	D13f	100 μM	6.4 μL	1.6 μM
PinfSSR4r	100 μM	2 μL	0.5 μM	D13r	100 μM	6.4 μL	1.6 μM
Pi04f	100 μM	2 μL	0.5 μM	PinfSSR8f	100 μM	12 μL	3 μM
Pi04r	100 μM	2 μL	0.5 μM	PinfSSR8r	100 μM	12 μL	3 μM
Pi70f	100 μM	2 μL	0.5 μM	Pi4Bf	100 μM	12 μL	3 μM
Pi70r	100 μM	2 μL	0.5 μM	Pi4Br	100 μM	12 μL	3 μM

2° Se preparó la reacción de Master Mix usando Qiagen Type-It Microsatellite PCR kit (cat. No. 206243):

REACTIVOS	CONCENTRACION	VOLUMEN PARA 1 REACCIÓN
2X Type-It Master Mix (Qiagen)		6.25 μl
10X Múltiplex de Cebadores		1.25 μl
Agua grado PCR		4 μl
AND	10ng/ μl	1 μl
Volumen total PCR por muestra		12.5 μl

3° Se dispensó 11.5 μl de master mix en el tubo de PCR y se adicionó 1 μl de ADN. Se mezcló y centrifugó brevemente.

4° Se amplificó mediante PCR bajo las siguientes condiciones:

ETAPA	Denaturación inicial	Denaturación	Hibridación	Extensión	Extensión final
TIEMPO	5min	30sec	90sec	20sec	30min
TEMP.	95°C	95°C	58°C	72°C	60°C
CICLOS	1	30			1

- 5° Se verificó la amplificación mediante electroforesis en gel de agarosa de alta definición al 4%.
- 6° El producto amplificado fue congelado y enviado al Centro de Genotipado de la Universidad Estatal de Carolina del Norte, Estados Unidos, para el servicio de Genotipado mediante electroforesis capilar en el Analizador Genético *Applied Biosystems 3130* (ABI 3130) utilizando el GeneScan 500 LIZ Size Standard (GS500) para el dimensionamiento.
- 7° Los electroferogramas resultantes del genotipado fueron recibidos en formato *.fsa*, los cuales se importaron en el software *GeneMarker 2.6.7* para la respectiva visualización y registro de alelos.
- 8° Los alelos se observaron cómo picos definidos a lo largo del electroferograma. Para determinar el locus al que pertenecía cada alelo, se introdujo la siguiente información en el software *GeneMarker 2.6.7*: Marcador de fluorescencia (*Dye*) propio de cada cebador reverso, rango de tamaño del producto amplificado (Tabla 13), alelos reportados en el año 2013 por Li et al. (Tabla 15), y dimensionador utilizado en el genotipado (GS500_1).

Tabla 15: Fluorescencia y rango de tamaño esperado de producto amplificado de los 12 SSR.

SSR locus	Dye	Fluorescencia	Rango de tamaño del producto amplificado (bp)
PiG11	NED	Amarillo	130 – 206
Pi02	NED	Amarillo	255 – 275
PinfSSR11	NED	Amarillo	325 – 360
D13	FAM	Azul	100 – 210
PinfSSR8	FAM	Azul	250 – 275
PinfSSR4	FAM	Azul	280 – 305
Pi04	VIC	Verde	160 – 175
Pi70	VIC	Verde	185 – 205
PinfSSR6	VIC	Verde	230 – 250
Pi63	VIC	Verde	265 – 280
PinfSSR2	PET	Rojo	165 – 180
Pi4B	PET	Rojo	200 – 295

- 9° Una vez identificados los alelos de cada locus, se determinó el genotipo multilocus (MLG, del inglés *Multi Locus Genotype*) compuesto por el conjunto de alelos encontrados para los 12 loci de la muestra.
- 10° La presencia de un solo alelo para determinado locus fue registrada como homocigosis, y en aquellos loci donde no se observaron alelos se registraron como nulos (-9). El número de alelos de un MLG fue igual al número de alelos diferentes observados, y la frecuencia (%) de un MLG en la población fue determinada dividiendo el número de muestras que presentaron dicho MLG entre el total de muestras analizadas.

Tabla 16: Alelos reportados por Li et al. (2013) para los 12 loci SSR, donde *Allele name*: Nombre del Alelo y *Allele size*: tamaño del alelo en pares de bases; tomado de Li et al. (2013).

Loci	Información de Alelos																		
G11	Allele name	130	132	138	140	142	146	148	150	152	154	156	158	160	162	164	166	168	170
	Allele size	130.30	132.30	138.45	139.99	142.01	147.08	149.40	151.40	153.07	155.16	157.02	159.41	161.12	163.05	165.05	167.01	169.17	171.43
	Allele name	172	176	198	200	202	204	206	208	210	214	218	220	222					
	Allele size	173.21	176.72	198.27	200.21	201.96	204.07	205.82	207.68	209.93	213.62	217.45	219.45	221.40					
Pi04	Allele name	160	166	168	170	172													
	Allele size	166.06	171.15	173.45	175.41	178.52													
Pi4B	Allele name	205	209	211	213	215	217	221	225	#									
	Allele size	206.60	210.45	212.50	214.70	216.40	218.64	222.62	226.74										
Pi63	Allele name	270	273	279															
	Allele size	270.23	273.24	279.18															
Pi70	Allele name	189	192	195	198														
	Allele size	187.95	190.77	193.65	195.99														
D13	Allele name	108	110	112	114	116	118	120	122	124	126	128	130	132	134	136	138	140	142
	Allele size	106.22	108.17	110.04	112.07	114.24	116.33	119.01	120.89	123.06	125.09	127.06	128.78	130.55	132.62	134.78	136.62	138.91	141.13
	Allele name	144	146	148	150	152	154	156	158	160	162	164	166	168	170	172	174	176	184
	Allele size	143.32	145.56	147.82	150.17	152.29	154.33	156.43	158.64	160.59	162.37	164.41	166.57	168.36	170.41	172.46	174.41	176.58	185.11
SSR2	Allele name	188	190	208	210	212	214	216											
	Allele size	188.85	190.80	208.69	210.78	212.71	214.73	217.00											
SSR3*	Allele name	163	167	173	175	177													
	Allele size	163.54	167.27	173.30	175.36	177.42													
SSR4	Allele name	258	264	266	268	270	272	276											
	Allele size	257.50	263.90	265.90	268.20	270.30	272.10	277											
SSR6	Original allele name	152	158	160	162	164	166	168	170										
	Allele name	283	285	287	289	291	293	295	297	299	301	303	305	307	309	311	313	315	317
	Allele size	281.41	283.67	285.65	287.78	289.72	291.86	293.61	295.70	297.62	299.73	301.85	303.98	305.71	307.90	309.86	312.07	314.02	316.27
SSR8	Allele name	232	236	240	242	244	246	254	256	258	260	262							
	Allele size	231.77	236.11	239.63	241.76	243.82	245.75	253.73	255.76	257.62	259.79	262.72							
SSR11	Allele name	260	264	266															
	Allele size	259.72	263.94	265.80															
SSR11	Allele name	331	341	356															
	Allele size	330.68	340.76	356.01															

11º Finalmente, las muestras fueron agrupadas por el MLG que presentaron, y se eligió una sola muestra de referencia por departamento para cada MLG a fin de elaborar una matriz de datos que evite la redundancia. A partir de esta matriz de datos se realizaron los análisis de estructura genética.

2.4. ANÁLISIS DE DATOS

2.4.1. DIVERSIDAD DE RAZAS FISIOLÓGICAS (Andrison, 1994):

2.4.1.1. ÍNDICE DE DIVERSIDAD GENÉTICA DE NEI (H)

El índice de Nei permite medir la “distancia genética” entre poblaciones y refleja el número de sustituciones nucleotídicas en el ADN permitiendo comparaciones a distintos niveles.

En ese sentido, el índice de Nei está orientado a calcular la cantidad de mutaciones acumuladas a nivel nucleotídico en las secuencias de dos linajes a lo largo del tiempo que ha transcurrido desde su divergencia original:

$$H = \left[\frac{n}{n-1} \right] \times \left(1 - \sum X_i^2 \right); i = 1$$

Donde:

X_i : Frecuencia del i-ésimo genotipo en la población

n : Número de aislamientos examinados

2.4.1.2. ÍNDICE DE SHANNON (H_s)

Integra la uniformidad y similitud de la frecuencia racial dentro y entre poblaciones. Es jerárquicamente estructurado cuando se calcula para un grupo de muestras colectadas en diferentes lugares.

$$H_s = - \sum_j (p_j \times \ln p_j); j = 1 \dots N_p$$

Donde:

p_j : Frecuencia de la j-ésima raza en la población

N_p : Número de razas identificadas

Los valores resultantes van entre 0 y $\ln N_p$, siendo 0 indicativo de que no se detecta diversidad y que todos los individuos corresponden a la misma raza; y $\ln N_p$ corresponde al mayor nivel posible de diversidad y que cada individuo constituye una raza diferente.

2.4.1.3. ÍNDICE DE GLEASON (H_G)

Este índice expresa la riqueza de la diversidad racial, esto se traduce en que exhibe el número de fenotipos diferentes que presenta la población.

$$H_G = (N_p - 1) / \ln(n_i)$$

Donde:

N_p : Número de razas identificadas

n_i : Número de aislamientos examinados

Con el fin de comparar las poblaciones de los diferentes departamentos y disminuir el efecto que se produce por la diferencia de los tamaños muestrales, que además son inferiores a 100 individuos en la mayoría de los departamentos; se aplicó un factor de corrección para calcular los índices relativos de Shannon (H_{SR}) y Gleason (H_{GR}):

$$\text{Índice relativo de Shannon: } (H_{SR}) = H_s/H_{SMAX}; H_{SMAX} = (H_s)/\ln(n_i)$$

$$\text{Índice relativo de Gleason: } (H_{GR}) = H_G/H_{GMAX}; H_{GMAX} = (N_p-1)/(n_i-1)$$

Donde:

H_{SMAX} y H_{GMAX} son los mayores valores posibles de H_s y H_G en una muestra de individuos de n_i .

n_i : número de aislamientos evaluados

N_p : número de razas identificadas

2.4.1.4. COMPLEJIDAD DE LA VIRULENCIA

Se evalúa como un número principal de factores de virulencia.

- a. Por aislamiento (C_i): Número principal de factores de virulencia por individuo.

$$C_i = \sum (j \cdot p_j \cdot v_j) ; j = 1 \dots N_p$$

Donde:

v_j : Número de factores de virulencia de la raza j

p_j : Frecuencia de la j -ésima raza en la población

N_p : Número de razas identificadas

b. Por raza (C_p): Número principal de factores de virulencia por raza.

$$C_p = \sum (j \cdot v_j) / N_p ; j = 1 \dots N_p$$

Donde:

v_j : Número de factores de virulencia de la raza j
 p_j : Frecuencia de la j -ésima raza en la población
 N_p : Número de razas identificadas

2.4.2. DIVERSIDAD GENÉTICA

2.4.2.1. DETERMINACIÓN DEL CONTENIDO DE INFORMACIÓN POLIMÓRFICA (PIC) (Anderson et al., 1993)

El contenido de información polimórfica se traduce como 1 menos la sumatoria de los cuadrados de la frecuencia de cada alelo y se determina para cada locus; teniendo en cuenta que la frecuencia de cada alelo se calcula dividiendo las veces que este ocurre entre el total de veces que se presentan todos los alelos. Para determinar el polimorfismo que caracteriza a cada marcador microsatélite, se aplicó la siguiente ecuación cuyos valores van entre 0 y 1.

$$PIC = 1 - \sum_{i=1}^k P_i^2$$

Donde:

k : Número total de alelos detectados para un marcador de SSR

P_i : Frecuencia absoluta del i -ésimo alelo

2.4.2.2. DETERMINACIÓN DE LA DIVERSIDAD GENOTÍPICA MEDIANTE EL ÍNDICE DE NEI (H)

$$H = [n/(n - 1)] \times (1 - \sum X_i^2); i = 1$$

Donde:

X_i : Frecuencia del i -ésimo genotipo en la población

n : Número de aislamientos examinados

2.4.2.3. ANÁLISIS DE ESTRUCTURA GENÉTICA

Para eliminar el sesgo impuesto por la gran capacidad de reproducción asexual de *P. infestans* y evitar la redundancia de los genotipos más frecuentes en la población muestral, se construyó una matriz de datos con corrección de clones conformada por una sola muestra de referencia de cada genotipo multilocus por departamento (Tablas 20, 21, 22, 23, 24, 25); y se añadieron los aislamientos control (Tabla 19).

Fue así que la matriz de datos con corrección de clones se conformó de 252 muestras de referencia de los 205 genotipos multilocus identificados (Tablas 20, 21, 22, 23, 24 y 25), y se agregaron los 5 aislamientos control como referencia de los linajes clonales US-1, EC-1, PE-3, PE-7, y PE-8 (Tabla 19).

A partir de esta matriz de datos se realizaron los análisis de estructura genética mediante dos softwares basados en diferentes métodos de agrupamiento: 1) *STRUCTURE 2.3.4*, basado en modelos para detectar subestructuración espacial, y 2) *DARwin 6.0.13*, basado en diferencias evolutivas para explorar la diversidad mediante datos de genotipos multilocus.

2.4.2.3.1. ESTRUCTURA GENÉTICA ESPACIAL

La estructura genética espacial fue analizada utilizando el software *STRUCTURE 2.3.4* basado en el principio Bayesiano de la comparación de probabilidades. Las condiciones del análisis fueron longitud del periodo de Burn-in de 5000, con 50000 repeticiones, y el rango para el número de agrupaciones (K) fue especificado de 1 a 15 considerando 10 repeticiones para cada simulación de K.

Posteriormente, los resultados fueron procesados en la herramienta en línea *Structure Harvester*, en cuya plataforma se visualizó el resultado del cálculo de ΔK para inferir el número subpoblaciones genéticas.

Por último, se visualizó el diagrama de barras del K inferido según el coeficiente de pertenencia a la agrupación (Q value).

2.4.2.3.2. ANÁLISIS DE AGRUPAMIENTO

En base a la matriz de datos con corrección de clones, se elaboró una nueva matriz de presencia (1) y ausencia (0) de los alelos identificados. A partir de esta matriz se realizó el Análisis de Coordenadas Principales (PCA, del inglés *Principal*

Component Analysis) en el software *DARwin 6.0.13* para graficar los ejes más significativos y así lograr la validación del patrón de subestructura genética obtenida con *STRUCTURE 2.3.4*. Igualmente, el dendrograma se construyó en el software *DARwin 6.0.13* utilizando el coeficiente de disimilaridad de Dice y el método de construcción del vecino más cercano (Neighbor joining).

Posteriormente, el dendrograma y el diagrama de barras en función del Q value obtenidos se graficaron en la herramienta en línea *iTOL v5 – Interactive Tree of Life* para cotejarlos y verificar los patrones de agrupación y subestructuración obtenidos en *DARwin 6.0.13* y *STRUCTURE 2.3.4*, respectivamente.

El linaje clonal al que correspondió cada subpoblación identificada mediante este análisis de estructura genética, estuvo dado por la ascendencia compartida más próxima con un determinado aislamiento control de linaje clonal conocido, observada en el dendrograma. Finalmente, se verificó que todas aquellas muestras pertenecientes a determinada subpoblación presentasen el haplotipo mitocondrial correspondiente al linaje clonal con el que fueron agrupadas.

CAPÍTULO III

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

3.1. RESULTADOS

3.1.1. MUESTREO Y COLECTA DE MATERIAL VEGETAL INFECTADO

La ubicación de los 117 campos de cultivo de papa que manifestaban la sintomatología característica del tizón tardío (Tabla 13), estuvieron entre los 1844 y 4125 metros de altitud (Anexo 1).

Las 701 muestras colectadas provinieron principalmente de la especie *Solanum tuberosum* (79%) cultivada en los 9 departamentos, y de forma secundaria de *S. goniocalyx* (8%) en Cusco, Junín, Huánuco y Huancavelica; de *S. chaucha* (7%) en Amazonas, Huancavelica y Piura; y de *S. stenotomum* (6%) en Huancavelica (Fig. 26).

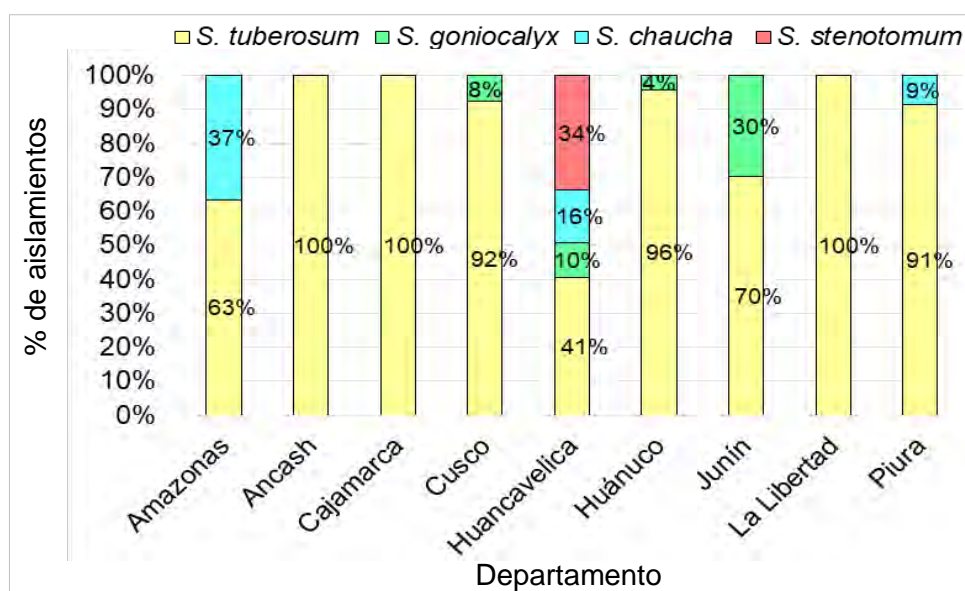


Figura 26: Porcentaje de muestras colectadas a partir de las 4 especies de papa cultivada.

Es así que la mayor diversidad de especies de papa cultivada afectadas por *P. infestans* se presentó en Huancavelica; luego en Huánuco, Cusco y Junín; y por último, en Amazonas y Piura.

3.2. OBTENCIÓN DE MATERIAL BIOLÓGICO

A partir de las 701 muestras colectadas de *P. infestans*, se logró aislar 213 individuos a los que en adelante llamaremos aislamientos (A). Debido a que el ADN de las 488 muestras restantes fue colectado directamente en tarjetas FTA (F) que posteriormente pasaron por el proceso de elución, nos referiremos a estas muestras como eluidos.

3.3. CARACTERIZACIÓN FENOTÍPICA

3.3.1. DETERMINACIÓN DEL TIPO DE APAREAMIENTO

El cultivo micelial de los aislamientos control A1 – A1, A2 – A2 no evidenció formación alguna de oosporas, mientras en el cultivo A1 – A2 sí se observaron las estructuras características de la reproducción sexual. Con ello se aseguró la fidelidad de los aislamientos control PPU103 (A1) y POX119 (A2) usados como testigos, así como del ensayo.

Los 213 aislamientos formaron esporangios en los cultivos realizados frente al testigo de tipo A1, mientras que frente al testigo de tipo A2 se distinguieron las estructuras reproductivas masculina (anteridio) y femenina (oogonio), así como la formación de numerosas oosporas en diversos grados de diferenciación, principalmente en el límite de encuentro de los micelios (Figura 27).

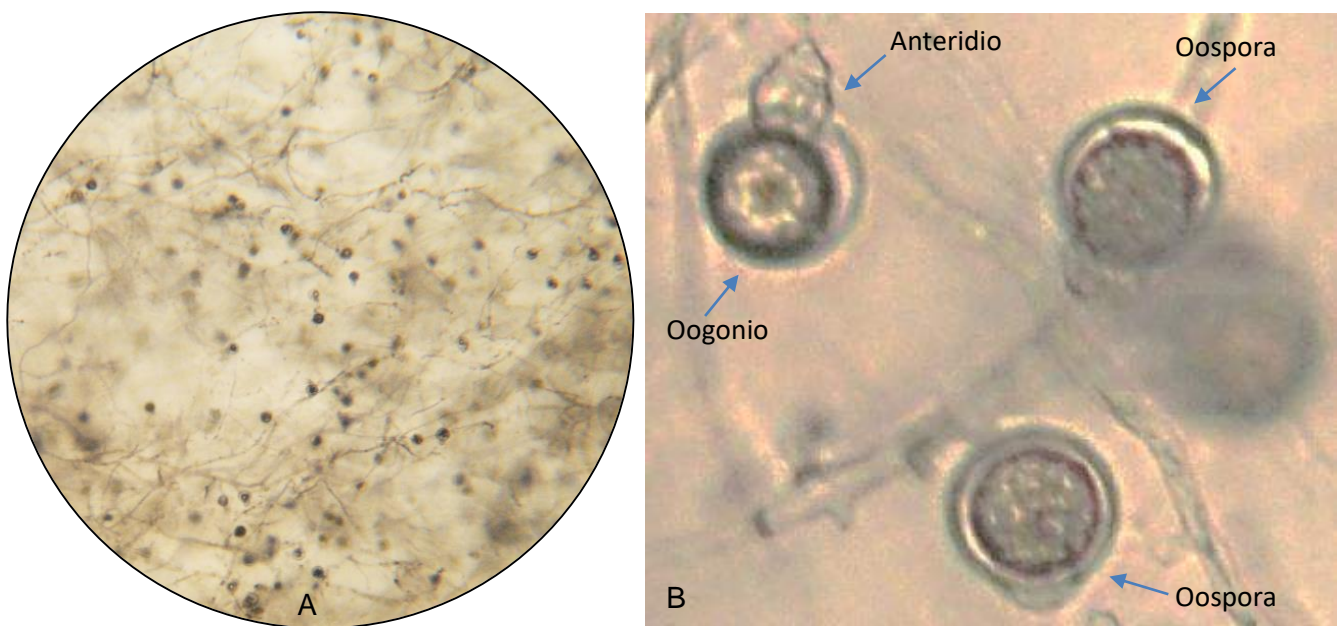


Figura 27: Observación microscópica del apareamiento entre un aislamiento muestra y el control A2. A: Vista general de las oosporas a 4X. B: Oosporas y estructuras sexuales observadas a 40X.

Con este ensayo se determinó que todos los aislamientos corresponden al grupo de apareamiento A1 (Anexo 2).

3.3.2. DETERMINACIÓN DE LA RESPUESTA A METALAXYL

Los aislamientos se evaluaron luego de dos semanas de crecimiento a través de la medición directa del diámetro del micelio desarrollado sobre el medio de cultivo.

Los aislamientos se consideraron resistentes (R) si el crecimiento micelial sobre el medio de cultivo con metalaxyl a 100 ppm era mayor al 40 % del crecimiento alcanzado en las placas de control (Figura 28), moderadamente resistentes (MR) si el crecimiento en 5 ppm es mayor al 40 % del micelio crecido en el control y menor al 40 % del crecimiento a 100 ppm (Figura 29), y sensibles (S) si a 5 ppm el crecimiento es menos al 40 % del crecimiento sobre el medio de control (Figura 30).

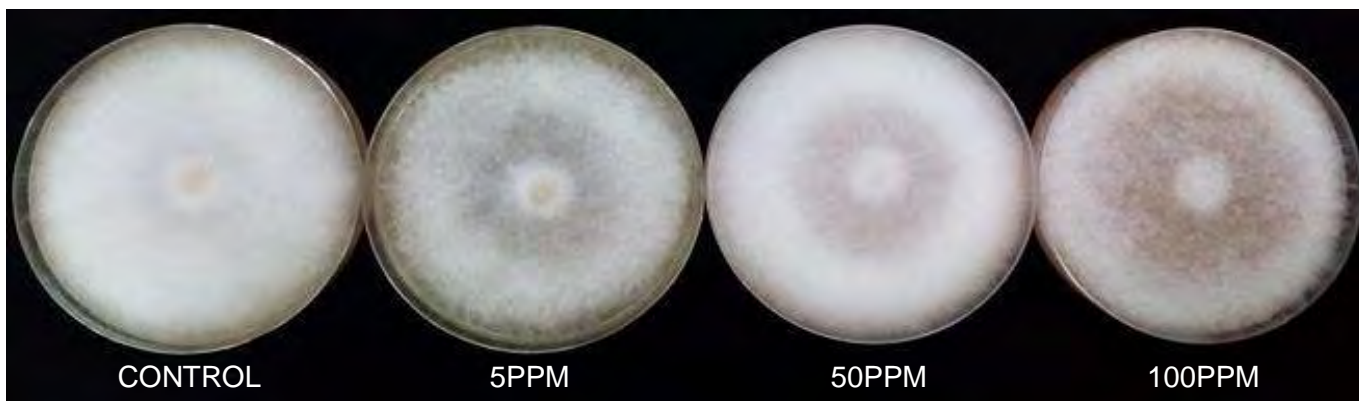


Figura 28: Crecimiento micelial de un aislamiento Resistente (PCZ228 – R) sobre medio de cultivo V8 control y con metalaxyl en concentraciones de 5ppm, 50ppm y 100ppm.

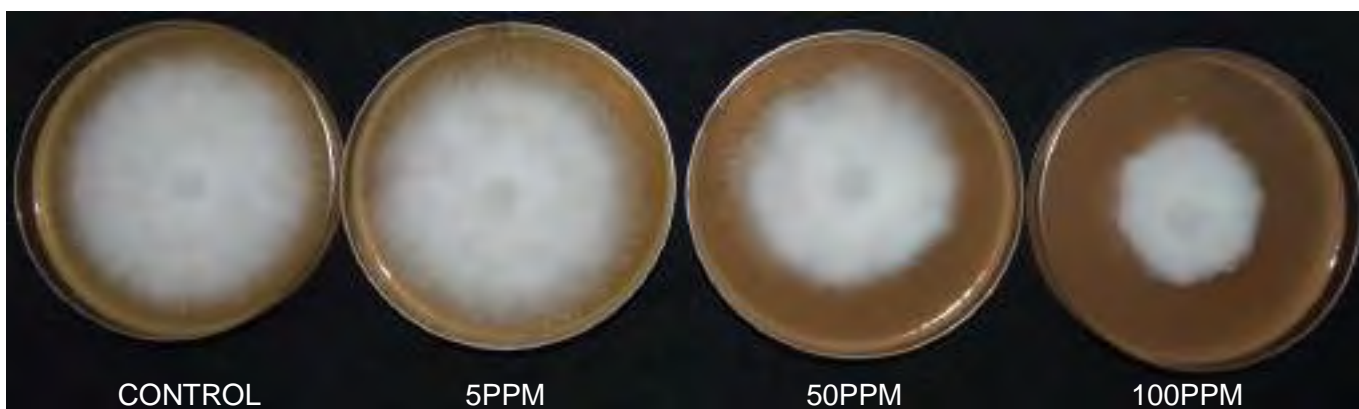


Figura 29: Crecimiento micelial de un aislamiento Moderadamente Resistente (PJU36 – MR) sobre medio de cultivo V8 control y con metalaxyl en concentraciones de 5 ppm, 50 ppm y 100 ppm.

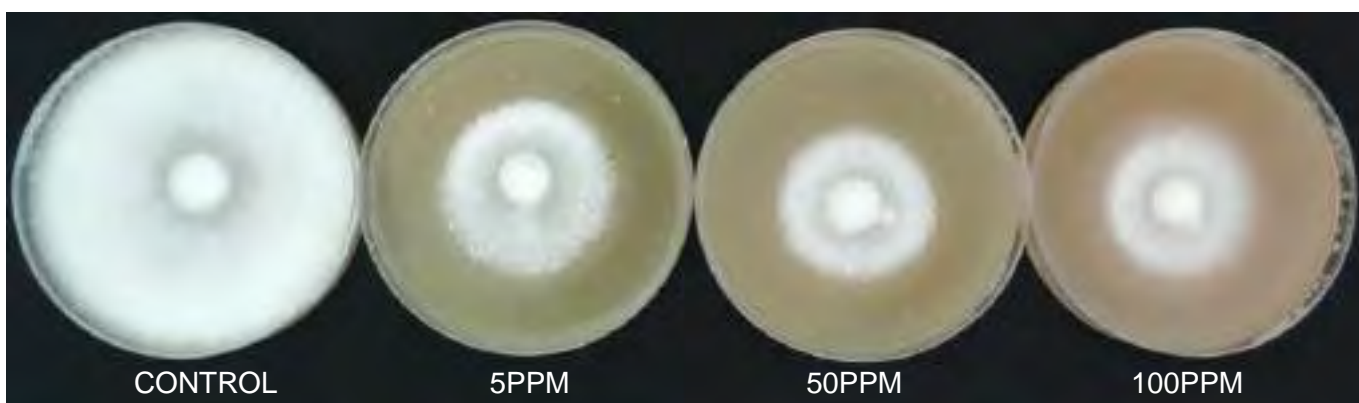


Figura 30: Crecimiento micelial de un aislamiento Sensible (PAMA6 – S) sobre medio de cultivo V8 control y con metalaxyl en concentraciones de 5 ppm, 50 ppm y 100 ppm.

El 90% de los aislamientos mostraron resistencia al fungicida sistémico metalaxyl, y solo un bajo porcentaje fueron susceptibles y moderadamente resistentes como describiremos a continuación: Un 4% es moderadamente resistente, en este grupo están incluidos aislamientos provenientes de Amazonas, Cajamarca, Junín y La Libertad. El 6% restante agrupa aislamientos sensibles los cuales provienen de Amazonas, Cajamarca y La Libertad (Figura 31).

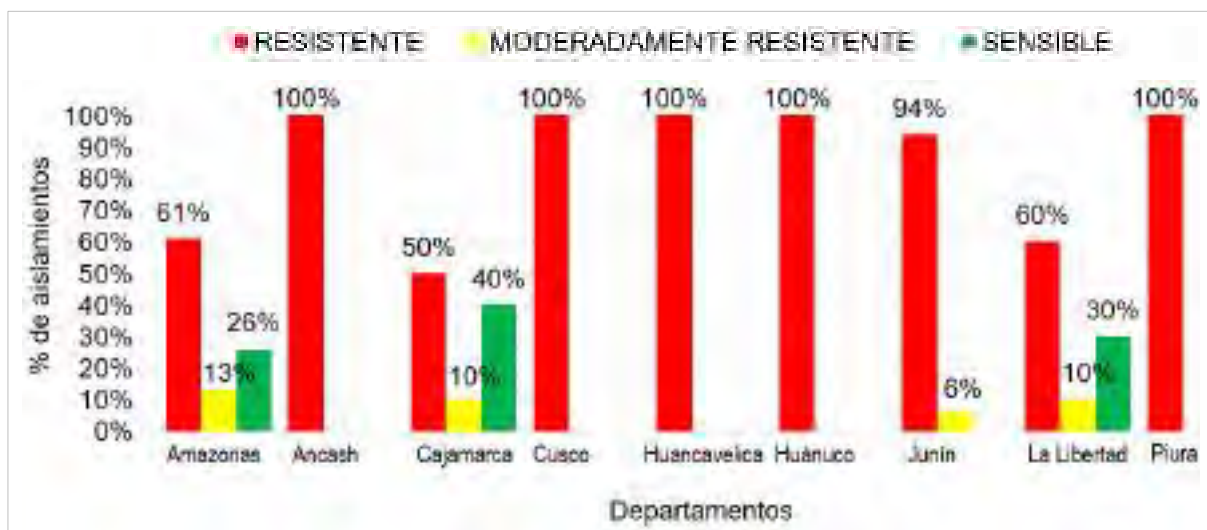


Figura 31: Porcentaje de aislamientos resistentes (R), moderadamente resistentes (MR) y sensibles (S) a metalaxyl, encontrados en cada departamento.

Los aislamientos resistentes provienen de las cuatro especies de solanáceas muestreadas (*S. tuberosum*, *S. goniocalyx*, *S. chaucha*, *S. stenotomum*), aquellos que manifestaron moderada resistencia provienen únicamente de *S. tuberosum* y *S. goniocalyx*, mientras los que evidenciaron ser sensibles fueron aislados a partir de *S. tuberosum* y *S. chaucha* (Figura 32).

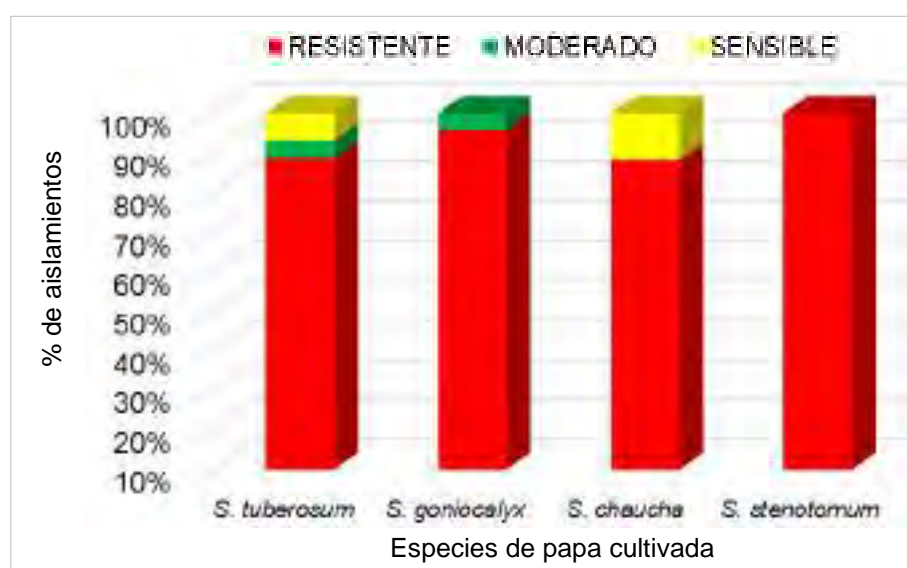


Figura 32: Relación entre la respuesta a metalaxyl y la especie de papa cultivada.

3.3.3. DETERMINACIÓN DE LA RAZA FISIOLÓGICA

Se evaluó el subgrupo representativo de 142 aislamientos (Anexo 2). Las interacciones de compatibilidad e incompatibilidad producidas entre los genes recesivos de virulencia (*avr*) de los aislamientos y los respectivos genes de resistencia (R) de los folíolos de plantas diferenciales de papa, fueron evaluadas al séptimo día después de la inoculación (Figura 33).

El control susceptible Yungay (*r*) no manifestó ningún tipo de resistencia a la infección, con ello se validó la patogenicidad de los aislamientos. La raza fisiológica fue determinada únicamente por las reacciones de compatibilidad específica equivalentes al desarrollo de la enfermedad. Así mismo, los factores de virulencia fueron inferidos de acuerdo a los genes de resistencia vencidos.

Se identificaron 41 razas fisiológicas diferentes entre simples y complejas, siendo estas últimas las más abundantes (Tabla 17). La raza fisiológica más frecuente en todos los departamentos de colecta, excepto en La Libertad, es R(1,3,4,7,10,11) con 6 factores de virulencia (Figura 33) y frecuencia de 32.9% del subgrupo total, se presenta en aislados a partir de *S. tuberosum*, *S. goniocalyx* y *S. stenotomum*.

Otras razas frecuentes son R(1,3,4,6,7,10,11) (8.4%) con 7 factores de virulencia, en aislados a partir de *S. tuberosum* y *S. goniocalyx*, presente en todos los departamentos excepto en Cajamarca; R(1,3,4,5,7,10,11) (7.7%) con 7 factores de virulencia, presente sólo en *S. tuberosum* proveniente Amazonas, Cusco, Junín y Piura; y R(1,3,4,5,6,7,10,11) (7%) con 8 factores de virulencia, proveniente de *S. tuberosum*, *S. goniocalyx* y *S. chaucha*, presente en Cusco, Huancavelica, Huánuco, Junín, La Libertad y Piura.

En menor porcentaje se presentaron las razas R(1,3,4,5,6,7,8,10,11) (6.3%) con 8 factores de virulencia, presente en aislados a partir *S. tuberosum* y *S. goniocalyx*, provenientes de Ancash, Junín y Piura; y R(1,2,3,4,5,6,7,9,10,11) (3.5%) con 10 factores de virulencia, esta es la raza más compleja y se presenta en aislados a partir de *S. tuberosum* y *S. chaucha*, presente en Amazonas, Cusco, La Libertad y Piura.

Por último, se identificaron 7 razas con frecuencia de 1.4%, 3 razas de 2.1% y 25 razas con la frecuencia más baja (0.7%) debido a que eran características de un único aislamiento.

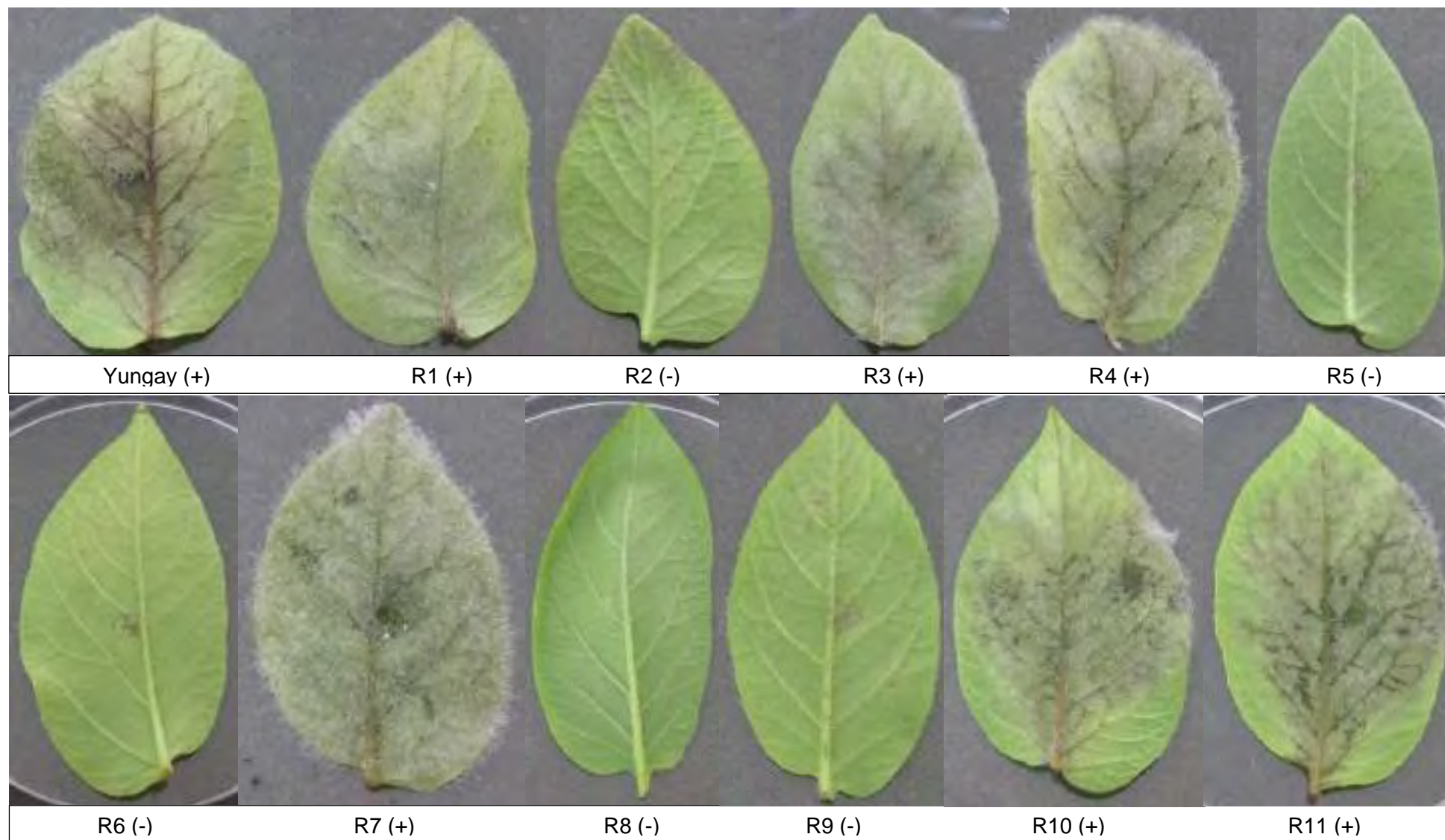


Figura 33: Reacciones de compatibilidad (+) e incompatibilidad (-) observadas en los folíolos de plantas diferenciales de papa portadoras de genes de resistencia R1 – R11, con el aislamiento PCZ191 de raza fisiológica R(1,3,4,7,10,11).

Tabla 17: Frecuencia de aislados de cada raza fisiológica en la población.

	RAZA FISIOLÓGICA	NÚMERO DE AISLAMIENTOS POR RAZA									FRECUENCIA	FACTORES DE VIRULENCIA	
		Amazonas	Ancash	Cajamarca	Cusco	Huancavelica	Huánuco	Junín	La Libertad	Piura			TOTAL
01	7						1				1	0.7%	1
02	10					1					1	0.7%	1
03	11								1		1	0.7%	1
04	1,7	2									2	1.4%	2
05	1,11	1									1	0.7%	2
06	3,4								1		1	0.7%	2
07	1,4,7						1				1	0.7%	3
08	1,3,10						1				1	0.7%	3
09	1,10,11			1							1	0.7%	3
10	3,5,11								1		1	0.7%	3
11	7,10,11	1									1	0.7%	3
12	1,3,4,7		1								1	0.7%	4
13	1,3,4,10								1		1	0.7%	4
14	1,3,7,11									1	1	0.7%	4
15	1,3,10,11					1					1	0.7%	4
16	1,4,7,11						1				1	0.7%	4
17	2,3,4,7			2							2	1.4%	4
18	2,4,7,11									1	1	0.7%	4
19	3,4,7,10								1		1	0.7%	4
20	1,3,4,7,10					1		1			2	1.4%	5
21	1,3,4,7,11	1					1		1		3	2.1%	5
22	1,3,4,10,11			1							1	0.7%	5
23	1,3,7,10,11		1	2							3	2.1%	5
24	1,4,7,10,11			1				1			2	1.4%	5
25	3,4,7,10,11									1	1	0.7%	5
26	1,2,3,4,5,7		1								1	0.7%	6
27	1,3,4,7,10,11	5	6	3	8	6	4	12	-	3	47	32.9%	6
28	1,2,3,4,6,7,11								1		1	0.7%	7
29	1,2,3,4,7,10,11		1				1				2	1.4%	7
30	1,3,4,5,7,10,11	2			1			3		5	11	7.7%	7
31	1,3,4,6,7,10,11	2	1		1	2	1	3	1	1	12	8.4%	7
32	1,3,4,7,8,10,11	1						1			2	1.4%	7
33	1,2,3,4,6,7,10,11		1								1	0.7%	8
34	1,2,3,4,7,9,10,11				1						1	0.7%	8
35	1,3,4,5,6,7,10,11				1	4	1	2	1	1	10	7%	8
36	1,3,4,5,7,8,10,11				1			1			2	1.4%	8
37	1,3,4,6,7,8,10,11							2		1	3	2.1%	8
38	2,3,4,6,7,9,10,11				1						1	0.7%	8
39	1,3,4,5,6,7,8,10,11		1					6		2	9	6.3%	9
40	1,2,3,4,5,6,7,10,11		1								1	0.7%	9
41	1,2,3,4,5,6,7,9,10,11	1			1				1	2	5	3.5%	10

Respecto a los factores de virulencia, *avr1* y *avr7* fueron los más frecuentes (93%), seguidos de *avr3*, *avr4*, y *avr11* (90%), y *avr10* (87%); y con menor frecuencia se presentaron *avr6* (30%), *avr5* (27%), *avr2* y *avr8* (11%), y *avr9* (5%) (Figura 34).

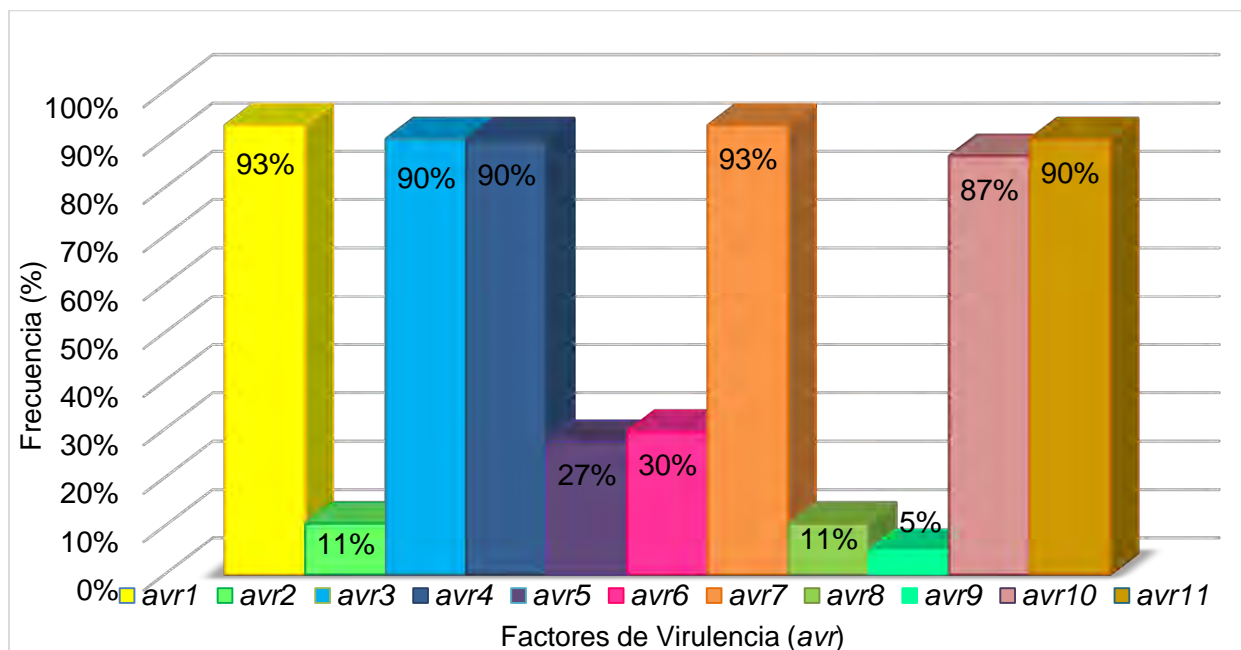


Figura 34: Porcentaje de los factores de virulencia (*avr1* – *avr11*) observados en la población.

Los factores de virulencia *avr1*, *avr3*, *avr4*, *avr7*, *avr10* y *avr11* son comunes en aislamientos de los 9 departamentos muestreados y se presentan en las más altas frecuencias; los demás factores de virulencia se distribuyen de forma heterogénea: *avr2* se presenta en Amazonas, Ancash, Cajamarca, Cusco, Huánuco, La Libertad y Piura; *avr5* y *avr6*, en todos los departamentos excepto Cajamarca; *avr8*, en Amazonas, Ancash, Cusco, Junín y Piura; *avr9*, en Amazonas, Cusco, La Libertad y Piura (Figura 35).

De forma similar, los factores de virulencia *avr1*, *avr3*, *avr4*, *avr7*, *avr10* y *avr11* son comunes en aislados de las 4 especies de papa cultivada muestreadas y se presentan en las más altas frecuencias: En los aislamientos provenientes de *S. tuberosum* (121) y *S. goniocalyx* (12) se presentaron todos los factores de virulencia; similarmente, en aquellos colectados a partir de *S. chaucha* (4) también se presentaron todos los factores excepto *avr8*. Por último, en los aislados a partir de *S. stenotomum* (5), se manifestaron únicamente los factores *avr1*, *avr3*, *avr4*, *avr7*, *avr10* y *avr11* (Figura 36).

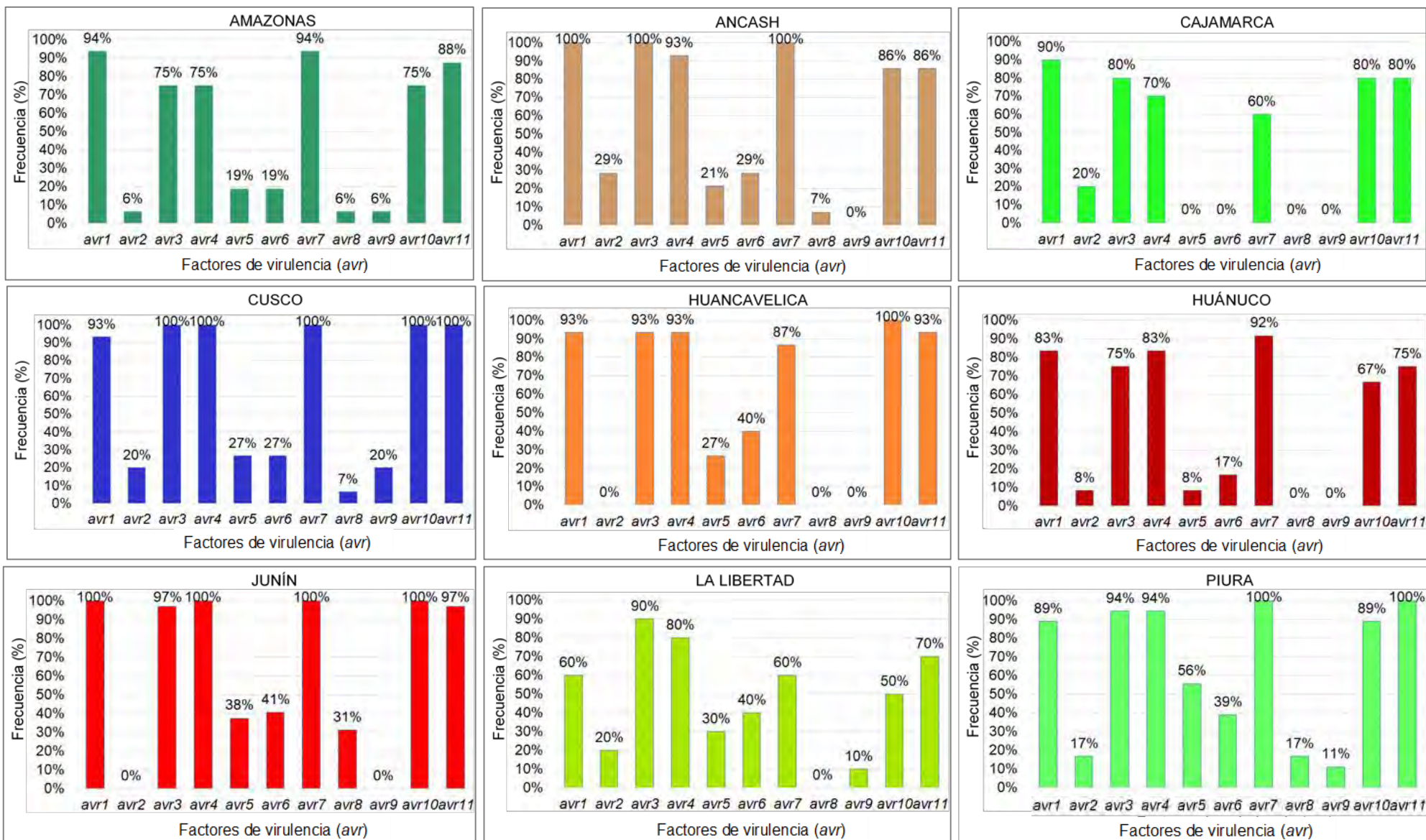


Figura 35: Porcentaje de factores de virulencia (avr1 – avr11) en aislamientos de diferentes departamentos.

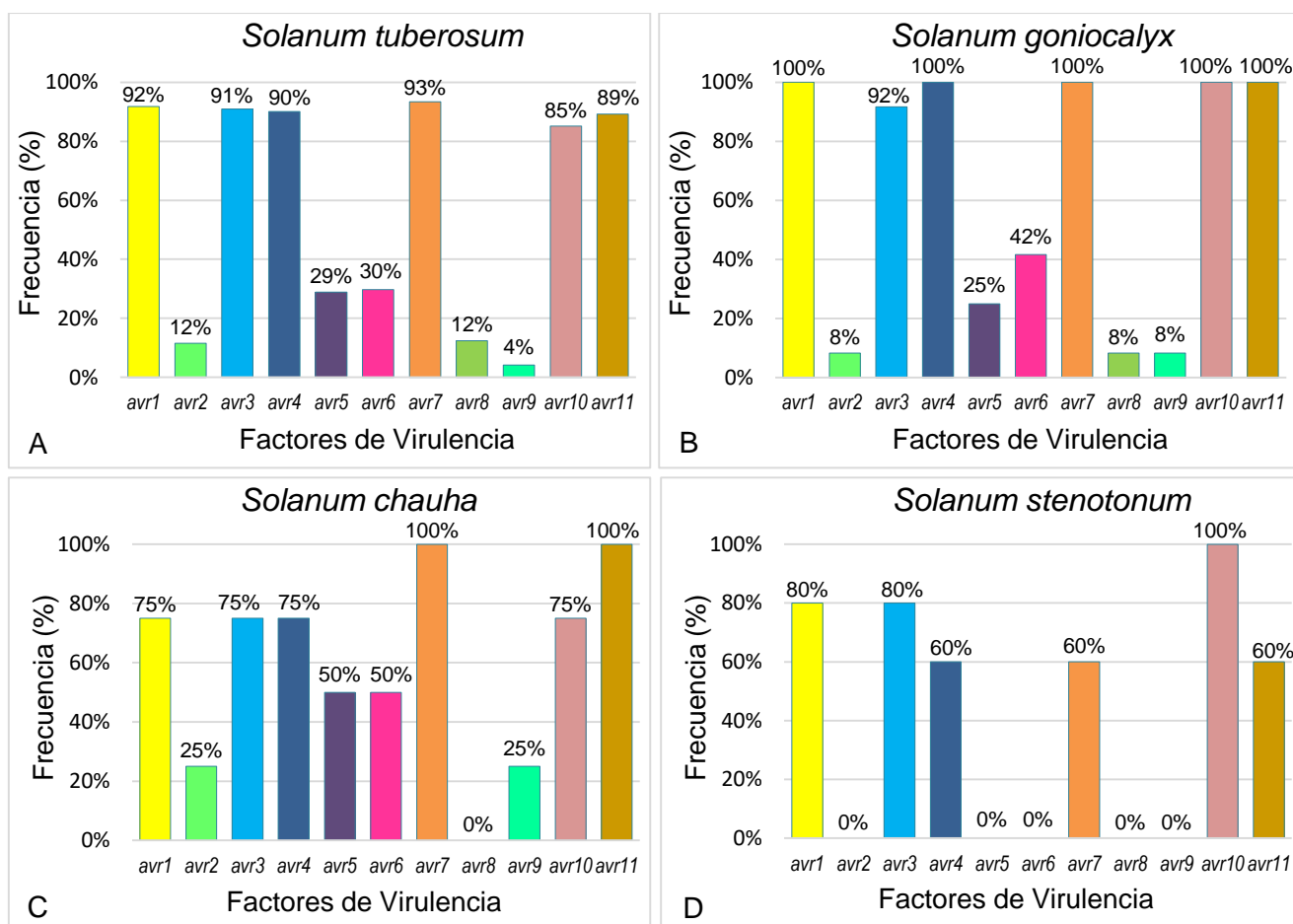


Figura 36: Porcentaje de factores de virulencia (avr1 – avr11) presentes en aislamientos provenientes de las cuatro especies de papa cultivada muestreadas. A: *Solanum tuberosum*, B: *S. goniocalyx*, C: *S. chaucha* y D: *S. stenotomum*)

3.3.3.1. DIVERSIDAD PATOTÍPICA

La diversidad de razas fisiológicas calculada mediante el índice de Nei (H) para la población analizada fue 0.87, indicando un alto nivel de diversidad de razas fisiológicas. Así también, los índices de Shannon (H_s) y Gleason (H_c) para el subgrupo estudiado fueron 2.79 y 8.07 respectivamente, sugiriendo que la riqueza de razas fisiológicas es alta.

Posteriormente, los índices de Nei, Shannon y Gleason fueron obtenidos para cada departamento con el fin de comparar las zonas estudiadas (Tabla 16) como se describe a continuación.

Debido a que los tamaños de muestra por cada departamento son menores a 100 y difieren entre sí, fue necesario aplicar un factor de corrección para reducir los sesgos que estas diferencias producían; midiendo así los índices relativos de Shannon (H_{SR}) y Gleason (H_{GR}).

De acuerdo al índice de Nei (H) la diversidad de razas fisiológicas es similar entre los 9 departamentos; siendo La Libertad la zona con mayor diversidad y homogeneidad en cuanto a la distribución de las razas fisiológicas (1.00).

Respecto a los índices relativos de Shannon (H_{SR}) y Gleason (H_{GR}), se observó que el segundo es mayor al primero en todos los casos sugiriendo un alto nivel de riqueza en todos los departamentos; presentándose en Junín la mayor uniformidad y similitud en cuanto a la frecuencia racial de su población ($H_{SR} = 3.47$) así como un mayor número de fenotipos diferentes ($H_{GR} = 8.94$).

Tabla 18: Diversidad de razas fisiológicas y complejidad de la virulencia en los 9 departamentos. Índice de Nei (H), índice de Shannon (H_S), índice de Gleason (H_G), índice relativo de Shannon (H_{SR}), índice relativo de Gleason (H_{GR}), complejidad de la virulencia por aislamiento (C_i), complejidad de la virulencia por raza (C_p).

Departamento	Aislamientos	Razas Fisiológicas	H	H_S	H_{SR}	H_G	H_{GR}	C_i	C_p
Amazonas	16	9	0.89	2.01	2.77	2.89	5.41	5.56	5.44
Ancash	14	9	0.84	1.87	2.64	3.03	4.93	6.50	6.78
Cajamarca	10	6	0.89	1.70	2.30	2.17	3.91	4.90	4.67
Cusco	15	8	0.73	1.60	2.71	2.58	5.17	5.73	5.50
Huancavelica	15	6	0.79	1.53	2.71	1.85	5.17	6.13	5.17
Huánuco	12	9	0.91	2.02	2.48	3.22	4.43	5.17	4.89
Junín	32	10	0.81	1.91	3.47	2.60	8.94	7.03	7.00
La Libertad	10	10	1.00	2.30	2.30	3.90	4.34	5.33	5.33
Piura	18	10	0.90	2.11	2.89	3.11	5.88	7.06	6.80

3.3.3.2. COMPLEJIDAD DE LA VIRULENCIA

Los promedios de complejidad por aislamiento (C_i) y raza (C_p) para el subgrupo examinado fueron de 6.3 y 5.1 respectivamente, fluctuando entre 4 y 7. Asimismo, las razas fisiológicas de Piura y Junín exhibieron la mayor complejidad por aislamiento (7.06 y 7.03) y también por raza (6.80 y 7.00) (Tabla 16). Estos resultados sugieren que la mayoría de razas son complejas y están presentes en gran parte de los aislamientos.

3.4. CARACTERIZACIÓN GENOTÍPICA

3.4.1. IDENTIFICACIÓN DE HAPLOTIPOS MITOCONDRIALES

Los 213 aislamientos junto al subgrupo de 71 eluidos fueron caracterizados respecto a su haplotipo mitocondrial (Anexo 2) considerando como referencia a los aislamientos control. Los perfiles genéticos de estos últimos fueron consistentes con

el haplotipo mitocondrial correspondiente al linaje clonal que cada uno representaba (Figura 37) según lo reportado por Griffith y Shaw (1998) para US-1 (Ib) y EC-1 (IIa), Pérez y Forbes (2008) para PE-3 y PE-7 (Ia), y Forbes et al. (2016) para PE-8 (Ic).

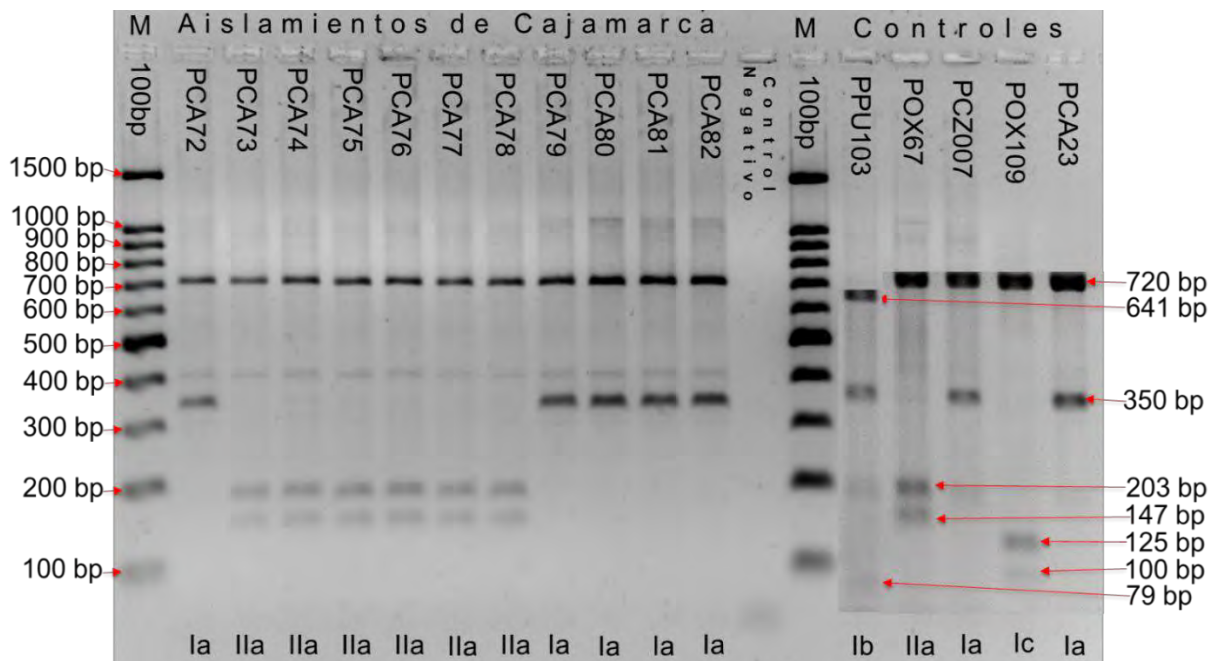


Figura 37: Perfiles genéticos de los haplotipos mitocondriales Ia y IIa de muestras de Cajamarca y aislamientos control de los linajes clonales US-1 (PPU103), EC-1 (POX67), PE-3 (PCZ007), y PE-7 (PCA23) de *Phytophthora infestans*, y PE-8 (POX109) de *P. andina*, donde M es el Marcador de Peso Molecular 100bp.

De esta manera, se detectaron los haplotipos mitocondriales Ia y IIa, siendo IIa dominante (88%) sobre Ia (12%). Este hecho se debe principalmente a que el haplotipo Ia se presentó únicamente en algunos aislamientos provenientes de Amazonas, Ancash, Cajamarca y La Libertad; mientras IIa se encontró a lo largo de toda el área de estudio (Figura 38).

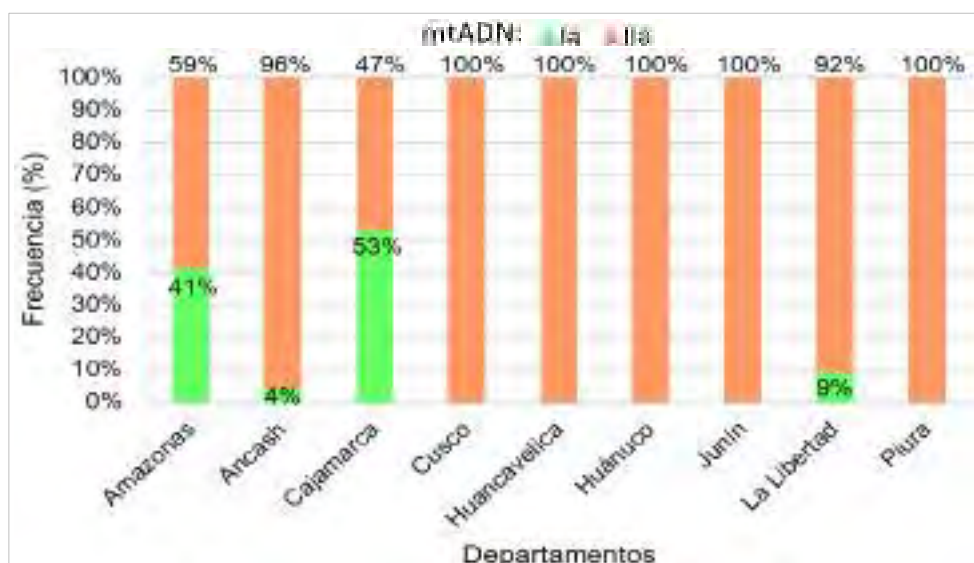


Figura 38: Frecuencia de los haplotipos mitocondriales (mtADN) en la población.

3.4.2. IDENTIFICACIÓN DE GENOTIPOS SSR

El genotipado con marcadores SSR permitió detectar el polimorfismo en los 12 loci de los cinco aislamientos control usados como referencia de los linajes clonales reportados anteriormente en el Perú (Pérez et al., 2001), así como en la población en estudio y, subsecuentemente, propició la identificación de los genotipos multilocus (MLGs) presentes.

Respecto a los cinco aislamientos control, se detectaron dos alelos por locus para todos los marcadores del linaje clonal PE-3, representado por el aislamiento PCZ007, registrando 18 alelos diferentes en total. De similar manera sucedió en los siguientes aislamientos con la excepción de encontrar hasta tres alelos en algunos marcadores como se describe a continuación: US-1 (PPU103) con 26 alelos, presentó tres alelos diferentes en *SSR4*, *Pi63* y *G11*; EC-1 (POX067) con 23 alelos, en *SSR4* y *Pi4B*; PE-7 (PCA023) con 22 alelos, en *D13* y *SSR11*; y PE-8 (POX119) con 22 alelos, en *Pi70* y *Pi4B* (Tabla 17).

Tabla 19: Genotipos multilocus de los aislamientos control correspondientes a los linajes clonales US-1, EC-1, PE-3, y PE-7 de *Phytophthora infestans*, y PE-8 de *P. andina*.

Aislamiento Control	Linaje Clonal	Marcadores Microsatélites																																			
		D13	SSR8	SSR4	Pi04	Pi70	SSR6	Pi63	G11	SSR3	SSR11	SSR2	Pi4B																								
PPU103	US-1	136	138	-9	266	266	-9	288	292	298	166	170	-9	189	192	-9	244	254	-9	270	273	279	152	168	200	260	266	-9	341	355	-9	173	177	-9	213	217	-9
POX067	EC-1	134	136	-9	264	266	-9	284	292	296	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	266	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217
PCZ007	PE-3	134	134	-9	266	266	-9	288	292	-9	166	170	-9	192	195	-9	244	244	-9	279	279	-9	160	168	-9	268	268	-9	341	355	-9	175	175	-9	205	217	-9
PCA023	PE-7	118	136	154	260	266	-9	288	294	-9	168	168	-9	192	192	-9	244	244	-9	279	279	-9	142	148	-9	266	268	-9	331	341	355	173	175	-9	213	217	-9
POX119	PE-8	142	142	-9	260	266	-9	282	286	-9	166	170	-9	192	195	201	240	244	-9	270	273	-9	130	200	-9	266	266	-9	355	355	-9	173	173	-9	213	250	274

En cuanto a las 701 muestras que constituyeron la población en estudio, se agruparon en 205 genotipos multilocus diferentes que exhibieron entre 17 y 25 alelos diferentes (Nº de alelos): MLG3, MLG44 y MLG173 presentaron la menor cifra mientras el MLG83 mostró la mayor cantidad (Tablas 18, 19, 20, 21, 22 y 23). Se identificaron dos alelos por locus en 35 genotipos distribuidos únicamente desde el centro hacia el norte (Junín, Huánuco, Ancash, La Libertad, Cajamarca, Amazonas) mientras en los 170 restantes se observaron entre dos (*SSR8*, *Pi70*, *Pi63*, *G11*, *SSR2*) y tres (*D13*, *SSR4*, *Pi04*, *SSR6*, *SSR3_Pi02*, *SSR11*, *Pi4B*) alelos en los diferentes marcadores además de estar distribuidos en toda el área de muestreo. En el caso particular del aislamiento PJU33, se detectaron hasta 4 alelos diferentes para los loci *SSR4* (284,292, 294, 296) y *Pi4B* (204, 207, 213, 217) (Anexo); sin embargo, por ser la única muestra que manifestó estas características y para fines comparativos, sólo se consideraron 294 y 217 como tercer alelo en ambos marcadores incorporando dicho aislamiento en el MLG204.

Tabla 20: Genotipos multilocus (MLG) de 42 muestras de referencia de los 39 MLG del linaje clonal PE-3, número de alelos y frecuencia en la población.

Muestra de referencia	D13			SSR8			SSR4			Pi04			Pi70			SSR6			Pi63			G11			SSR3 Pi02			SSR11			SSR2			Pi4B			MLG	N° de Alelos	Frecuencia (%)
	Alelo 1	Alelo 2	Alelo 3	Alelo 1	Alelo 2	Alelo 3	Alelo 1	Alelo 2	Alelo 3	Alelo 1	Alelo 2	Alelo 3	Alelo 1	Alelo 2	Alelo 3	Alelo 1	Alelo 2	Alelo 3	Alelo 1	Alelo 2	Alelo 3	Alelo 1	Alelo 2	Alelo 3	Alelo 1	Alelo 2	Alelo 3	Alelo 1	Alelo 2	Alelo 3	Alelo 1	Alelo 2	Alelo 3	Alelo 1	Alelo 2	Alelo 3			
1 PCA39F	150	150	-9	266	266	-9	292	296	-9	166	170	-9	192	195	-9	244	244	-9	279	279	-9	156	162	-9	268	268	-9	341	355	-9	175	175	-9	205	217	-9	1	18	0.14%
2 PAMA221F	150	152	-9	266	266	-9	290	298	-9	166	170	-9	192	195	-9	244	244	-9	279	279	-9	154	156	-9	268	270	-9	341	355	-9	175	175	-9	205	217	-9	2	20	0.14%
3 PAMA19A	154	154	-9	266	266	-9	290	292	-9	166	166	-9	192	195	-9	244	244	-9	279	279	-9	154	162	-9	268	268	-9	341	355	-9	175	175	-9	205	217	-9	3	17	0.14%
4 PAMA235F	152	154	-9	266	266	-9	290	292	-9	166	170	-9	192	195	-9	244	244	-9	279	279	-9	154	162	-9	268	268	-9	341	355	-9	175	175	-9	205	217	-9	4	19	0.14%
5 PAMA29F	140	140	-9	266	266	-9	288	296	-9	166	170	-9	192	195	-9	244	244	-9	279	279	-9	156	166	-9	268	268	-9	341	355	-9	175	175	-9	205	217	-9	5	18	0.14%
6 PAMA214F	142	142	-9	266	266	-9	288	292	-9	166	170	-9	192	195	-9	244	244	-9	279	279	-9	156	166	-9	268	268	-9	341	355	-9	175	175	-9	205	217	-9	6	18	0.14%
7 PAN45A	142	142	-9	266	266	-9	288	294	-9	166	170	-9	192	195	-9	244	244	-9	279	279	-9	158	166	-9	268	268	-9	341	355	-9	175	175	-9	205	217	-9	7	18	0.14%
8 PAMA232F	142	142	-9	266	266	-9	288	294	-9	166	170	-9	192	195	-9	244	244	-9	279	279	-9	156	166	-9	268	268	-9	329	341	355	175	175	-9	205	217	-9	8	19	0.14%
9 PCA27F	144	146	-9	266	266	-9	292	294	-9	166	170	-9	192	195	-9	244	244	-9	279	279	-9	156	162	-9	268	268	-9	341	355	-9	175	175	-9	205	217	-9	9	19	0.29%
10 PCA32F	120	120	-9	262	266	-9	290	294	-9	166	170	-9	192	195	-9	244	244	-9	279	279	-9	160	162	-9	268	268	-9	341	355	-9	175	175	-9	205	217	-9	10	19	0.14%
11 PCA34F	120	120	-9	266	266	-9	290	294	-9	166	170	-9	192	195	-9	244	244	-9	279	279	-9	160	162	-9	268	268	-9	341	355	-9	175	175	-9	205	217	-9	11	18	0.71%
12 PAMA222F	142	144	-9	266	266	-9	290	294	-9	166	170	-9	192	195	-9	244	244	-9	279	279	-9	156	162	-9	268	268	-9	341	355	-9	175	175	-9	205	217	-9	12	19	0.14%
13 PAMA200F	144	144	-9	266	266	-9	290	294	-9	166	170	-9	192	195	-9	244	244	-9	279	279	-9	160	162	-9	268	270	-9	341	355	-9	175	175	-9	205	217	-9	13	19	0.14%
14 PAMA14A	144	144	-9	266	266	-9	290	294	-9	166	170	-9	192	195	-9	244	244	-9	279	279	-9	156	162	-9	268	270	-9	341	355	-9	175	175	-9	205	217	-9	14	19	0.14%
15 PAMA25A	146	146	-9	266	266	-9	290	296	-9	166	170	-9	192	195	-9	244	244	-9	279	279	-9	156	166	-9	268	268	-9	341	355	-9	175	175	-9	205	217	-9	15	18	0.29%
16 PCA72A	146	146	-9	266	266	-9	290	296	-9	166	170	-9	192	195	-9	244	244	-9	279	279	-9	160	162	-9	268	268	-9	341	355	-9	175	175	-9	205	217	-9	16	18	0.14%
17 PCAPO58-5F	144	146	-9	266	266	-9	290	296	-9	166	170	-9	192	195	-9	244	244	-9	279	279	-9	156	162	-9	268	268	-9	329	341	355	175	175	-9	205	217	-9	17	20	0.14%
18 PCA36F	146	146	-9	266	266	-9	290	294	-9	166	170	-9	192	195	-9	244	244	-9	279	279	-9	156	158	-9	268	268	-9	341	355	-9	175	175	-9	205	217	-9	18	18	0.14%
19 PAMA237F	144	146	-9	266	266	-9	290	294	-9	166	170	-9	192	195	-9	244	244	-9	279	279	-9	156	162	-9	268	268	-9	341	355	-9	175	175	-9	205	217	-9	19	19	0.14%
20 PAMA24F	146	148	-9	266	266	-9	290	294	-9	166	170	-9	192	195	-9	244	244	-9	279	279	-9	156	162	-9	268	268	-9	341	355	-9	175	175	-9	205	217	-9	20	19	0.14%
21 PAMA24A	146	146	-9	266	266	-9	290	294	-9	160	166	170	192	195	-9	244	244	-9	279	279	-9	156	162	-9	268	268	-9	341	355	-9	175	175	-9	205	217	-9	21	19	0.14%
22 PCA79A	146	146	-9	266	266	-9	290	294	-9	166	170	-9	192	195	-9	244	244	-9	279	279	-9	156	162	-9	268	268	-9	341	355	-9	175	175	-9	205	217	-9	22	18	1.14%
23 PLL66A	146	146	-9	266	266	-9	290	294	-9	166	170	-9	192	195	-9	244	244	-9	279	279	-9	156	162	-9	268	268	-9	341	355	-9	175	175	-9	205	217	-9			
24 PAMA34A	146	146	-9	266	266	-9	290	294	-9	166	170	-9	192	195	-9	244	244	-9	279	279	-9	156	162	-9	268	268	-9	341	355	-9	175	175	-9	205	217	-9	23	18	0.14%
25 PCAP62-4F	140	140	-9	266	266	-9	290	294	-9	166	170	-9	192	195	-9	244	244	-9	279	279	-9	152	166	-9	268	268	-9	341	355	-9	175	175	-9	205	217	-9			
26 PAMA16A	144	144	-9	266	266	-9	290	294	-9	166	170	-9	192	195	-9	244	244	-9	279	279	-9	156	166	-9	268	268	-9	341	355	-9	175	175	-9	205	217	-9	24	18	0.57%
27 PAMA27A	142	142	-9	266	266	-9	284	290	294	166	170	-9	192	195	-9	244	244	-9	279	279	-9	156	166	-9	268	268	-9	341	355	-9	175	175	-9	205	217	-9	25	19	0.14%
28 PAMA213F	142	142	-9	264	266	-9	290	294	-9	166	170	-9	192	195	-9	244	244	-9	279	279	-9	156	166	-9	268	268	-9	341	355	-9	175	175	-9	205	217	-9	26	19	0.14%
29 PAMA202F	142	142	-9	266	266	-9	290	294	-9	166	170	-9	192	195	-9	244	244	-9	279	279	-9	160	166	-9	268	268	-9	341	355	-9	175	175	-9	205	217	-9	27	18	0.14%
30 PAMA15A	142	146	-9	266	266	-9	290	294	-9	166	170	-9	192	195	-9	244	244	-9	279	279	-9	156	166	-9	268	268	-9	341	355	-9	175	175	-9	205	217	-9	28	19	0.14%
31 PCAPO58-8F	142	142	-9	266	266	-9	290	294	-9	166	170	-9	192	195	-9	244	244	-9	279	279	-9	156	166	-9	268	268	-9	329	341	355	175	175	-9	205	217	-9	29	19	0.14%
32 PCAP62-2F	142	142	-9	266	266	-9	290	294	-9	166	170	-9	192	195	-9	244	244	-9	279	279	-9	156	166	-9	268	268	-9	341	355	-9	175	175	-9	205	217	-9	30	18	0.86%
33 PAMA228F	142	142	-9	266	266	-9	290	294	-9	166	170	-9	192	195	-9	244	244	-9	279	279	-9	156	166	-9	268	268	-9	341	355	-9	175	175	-9	205	217	-9			
34 PCA33F	148	150	-9	266	266	-9	290	294	-9	166	170	-9	192	195	-9	244	244	-9	279	279	-9	156	170	-9	268	268	-9	341	355	-9	175	175	-9	205	217	-9	31	19	0.14%
35 PCAPO58-6F	148	150	-9	266	266	-9	290	294	-9	166	170	-9	192	195	-9	244	244	-9	279	279	-9	156	158	-9	268	268	-9	329	341	355	175	175	-9	205	217	-9	32	20	0.14%
36 PCA81A	148	148	-9	266	266	-9	290	294	-9	166	170	-9	192	195	-9	244	244	-9	279	279	-9	156	166	-9	268	268	-9	341	355	-9	175	175	-9	205	217	-9	33	18	0.14%
37 PCAPO58-7F	146	148	-9	266	266	-9	290	294	-9	166	170	-9	192	195	-9	244	244	-9	279	279	-9	156	166	-9	268	268	-9	341	355	-9	175	175	-9	205	217	-9	34	19	0.14%
38 PCA82A	150	150	-9	266	266	-9	290	294	-9	160	166	170	192	195	-9	244	244	-9	279	279	-9	156	166	-9	268	268	-9	341	355	-9	175	175	-9	205	217	-9	35	19	0.14%
39 PCA80A	150	150	-9	266	266	-9																																	

Tabla 21: Genotipos multilocus (MLG) de 210 muestras de referencia de los 166 MLG del linaje clonal EC-1 (MLG40 – MLG77), cantidad de alelos y frecuencia en la población.

Muestra de referencia	D13			SSR8			SSR4			Pi04			Pi70			SSR6			Pi63			G11			SSR3 Pi02			SSR11			SSR2			Pi4B			MLG	N° de Alelos	Frecuencia (%)
	Alelo 1	Alelo 2	Alelo 3	Alelo 1	Alelo 2	Alelo 3	Alelo 1	Alelo 2	Alelo 3	Alelo 1	Alelo 2	Alelo 3	Alelo 1	Alelo 2	Alelo 3	Alelo 1	Alelo 2	Alelo 3	Alelo 1	Alelo 2	Alelo 3	Alelo 1	Alelo 2	Alelo 3	Alelo 1	Alelo 2	Alelo 3	Alelo 1	Alelo 2	Alelo 3	Alelo 1	Alelo 2	Alelo 3	Alelo 1	Alelo 2	Alelo 3			
43 PCZ191A	132	140	-9	264	266	-9	286	290	304	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	40	22	0.57%
44 PCZ191F	132	140	-9	264	266	-9	286	290	304	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	-9	-9	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	41	21	0.29%
45 PCAC1-2F	132	134	146	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	195	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	341	355	-9	173	175	-9	204	213	217	42	24	0.14%
46 PCAC7-1F	132	134	146	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	341	355	-9	173	175	-9	204	213	217	43	23	0.14%
47 PHU53F	132	132	-9	264	266	-9	294	294	-9	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	355	355	-9	173	175	-9	204	207	-9	44	17	0.14%
48 PCZ210F	134	136	-9	264	266	-9	284	292	296	166	170	-9	192	195	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	272	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	45	24	0.14%
49 PCZ203F	134	136	-9	264	266	-9	288	296	302	166	170	-9	192	195	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	341	355	-9	173	175	-9	204	213	217	46	23	0.14%
50 PCZ226F	134	136	-9	264	266	-9	284	292	296	166	170	-9	192	195	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	341	355	-9	173	175	-9	204	213	217	47	23	0.14%
51 PCAC4-1F	134	136	-9	266	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	195	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	329	329	-9	173	175	-9	204	213	217	48	21	0.14%
52 PCA31F	132	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	205	217	-9	49	21	0.14%
53 PAMA8A	136	140	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	152	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	50	23	0.29%
54 PLL3F	136	136	-9	264	266	-9	284	294	-9	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	154	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	51	21	0.14%
55 PLL8F	136	136	-9	264	266	-9	284	294	-9	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	329	331	355	173	175	-9	204	213	217	52	21	0.14%
56 PLL64A	136	136	-9	264	266	-9	284	294	-9	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	53	20	0.29%
57 PAN109F	136	136	-9	264	266	-9	284	294	296	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	160	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	54	22	0.43%
58 PCZ222F	134	136	-9	264	266	-9	284	294	296	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	-9	-9	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	55	20	0.14%
59 PCZ229A	134	136	-9	264	266	-9	284	294	296	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	56	22	1.00%
60 PCZ221F	134	136	-9	264	266	-9	284	294	296	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	-9	-9	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	57	21	0.43%
61 PCA41F	136	138	140	264	266	-9	284	294	-9	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	58	22	0.14%
62 PLL14F	136	142	144	264	266	-9	284	294	298	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	221	59	23	0.14%
63 PAMA212F	136	146	148	264	266	-9	284	294	296	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	-9	-9	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	221	60	22	0.14%
64 PCA28F	136	140	-9	264	266	-9	284	296	-9	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	225	61	21	0.14%
65 PLL11F	136	138	140	264	266	-9	284	294	296	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	-9	62	22	0.14%
66 PCA1F	136	140	-9	264	266	-9	284	294	296	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	-9	-9	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	-9	63	20	0.14%
67 PCA2F	136	140	-9	264	266	-9	284	294	296	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	-9	64	21	0.43%
68 PLL67A	140	140	-9	264	266	-9	284	294	300	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	266	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	221	65	22	0.29%
69 PCA73adn	140	144	-9	264	266	-9	284	294	-9	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	221	66	21	0.14%
70 PAMA225F	140	142	144	264	266	-9	284	294	-9	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	221	67	22	0.14%
71 PAMA13A	132	140	-9	264	266	-9	284	294	296	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	266	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	221	68	23	0.71%
72 PAMA208F	132	140	-9	264	266	-9	284	294	296	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	154	156	-9	266	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	221	69	24	0.14%
73 PLL12F	140	140	-9	264	266	-9	284	294	296	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	154	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	221	70	22	0.43%
74 PCA78A	140	140	-9	264	266	-9	284	294	296	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	221	71	21	2.00%
75 PLL65A	140	140	-9	264	266	-9	284	294	296	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	221	71	21	2.00%
76 PAMA229F	140	140	-9	264	266	-9	284	294	296	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	221	72	21	0.14%
77 PAMA223F	136	140	-9	264	266	-9	284	296	-9	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	221	72	21	0.14%
78 PAMA224F	136	140	-9	264	266	-9	284	296	298	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	221	73	22	0.14%
79 PCA8F	136	138	140	264	266	-9	284	294	296	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	221	74	23	0.57%
80 PAMA227F	136	138	140	264	266	-9	284	294	296	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	221	75	23	0.14%

Tabla 22: Genotipos multilocus (MLG) de 210 muestras de referencia de los 166 MLG del linaje clonal EC-1 (MLG78 – MLG113), cantidad de alelos y frecuencia en la población.

Muestra de referencia	D13			SSR8			SSR4			Pi04			Pi70			SSR6			Pi63			G11			SSR3 Pi02			SSR11			SSR2			Pi4B			MLG	Nº de Alelos	Frecuencia (%)
	Alelo 1	Alelo 2	Alelo 3	Alelo 1	Alelo 2	Alelo 3	Alelo 1	Alelo 2	Alelo 3	Alelo 1	Alelo 2	Alelo 3	Alelo 1	Alelo 2	Alelo 3	Alelo 1	Alelo 2	Alelo 3	Alelo 1	Alelo 2	Alelo 3	Alelo 1	Alelo 2	Alelo 3	Alelo 1	Alelo 2	Alelo 3	Alelo 1	Alelo 2	Alelo 3	Alelo 1	Alelo 2	Alelo 3	Alelo 1	Alelo 2	Alelo 3			
86 PAN120F	134	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	266	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	78	23	0.14%
87 PCA20F	136	136	-9	264	266	-9	284	292	298	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	264	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	79	22	0.14%
88 PAMA239F	136	136	-9	264	266	-9	284	292	-9	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	80	20	0.14%
89 PHU60F	128	134	136	264	266	-9	284	292	300	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	272	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	81	24	0.14%
90 PHU42F	128	136	-9	264	266	-9	284	292	302	166	170	-9	192	192	-9	242	244	246	-9	-9	-9	156	156	-9	266	268	272	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	82	24	0.14%
91 PHU1F	128	136	-9	264	266	-9	284	292	300	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	154	156	-9	266	268	272	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	83	25	0.14%
92 PHU100A	128	136	-9	264	266	-9	284	292	300	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	266	268	272	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	84	24	0.71%
93 PJU57F	128	136	-9	264	266	-9	284	292	300	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	266	268	272	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	84	24	0.71%
94 PPI158F	134	136	-9	264	266	-9	284	292	298	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	-9	-9	-9	156	156	-9	266	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	85	22	0.14%
95 PHU7F	134	136	-9	264	266	-9	284	292	302	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	266	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	86	23	0.29%
96 PHCA77F	134	136	-9	264	266	-9	284	292	302	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	266	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	86	23	0.29%
97 PJU21A	134	136	-9	264	266	-9	284	290	304	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	266	268	270	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	87	24	0.29%
98 PJU65F	134	136	-9	264	266	-9	284	290	300	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	266	268	270	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	88	24	0.14%
99 PHU91A	134	136	-9	264	266	-9	284	292	300	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	154	156	-9	266	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	89	24	0.14%
100 PHU4F	134	136	-9	264	266	-9	284	292	300	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	266	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	90	24	0.14%
101 PCZ195F	136	138	-9	264	266	-9	284	292	296	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	91	22	0.14%
102 PAMA234F	136	142	-9	264	266	-9	284	292	296	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	-9	-9	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	92	21	0.14%
103 PPI157F	136	136	-9	264	266	-9	284	292	296	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	93	21	0.57%
104 PAMA17A	136	136	-9	264	266	-9	284	292	296	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	93	21	0.57%
105 PAMA7A	140	140	-9	264	266	-9	284	292	296	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	94	21	0.14%
106 PAMA12A	140	140	-9	264	266	-9	284	292	296	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	154	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	95	22	0.14%
107 PCZ205F	132	134	-9	264	266	-9	284	292	296	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	96	22	0.14%
108 PCZ196A	132	136	-9	264	266	-9	284	292	296	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	97	22	1.14%
109 PCZ199F	132	136	-9	264	266	-9	284	292	296	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	173	-9	204	213	217	98	21	0.14%
110 PCZ208F	134	136	-9	264	266	-9	284	292	296	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	-9	-9	-9	156	160	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	99	22	0.14%
111 PCZ216F	134	136	-9	264	266	-9	284	292	296	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	273	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	329	331	355	173	175	-9	204	213	217	100	24	0.14%
112 PCZ203A	134	136	-9	264	266	-9	284	292	296	166	170	-9	192	201	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	101	23	0.14%
113 PCZ202A	134	136	-9	264	266	-9	284	292	296	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	102	22	1.43%
114 PCZ202F	134	136	-9	264	266	-9	284	292	296	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	173	-9	204	213	217	103	21	0.29%
115 PAN107F	134	136	-9	264	266	-9	284	292	296	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	266	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	104	23	0.43%
116 PCZ200F	134	136	-9	264	266	-9	284	292	296	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	266	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	104	23	0.43%
117 PHU15F	134	136	-9	264	266	-9	284	292	304	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	158	-9	266	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	105	24	0.14%
118 PCZ209F	134	136	-9	264	266	-9	284	292	296	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	158	-9	266	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	106	23	0.14%
119 PCO115A	134	136	-9	264	266	-9	284	292	296	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	158	-9	266	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	107	24	0.14%
120 PPI183F	136	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	217	-9	108	20	0.14%
121 PPI96A	136	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	-9	-9	-9	109	18	0.14%
122 PCAC3-1F	134	136	142	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	110	23	0.14%
123 PHCA46F	136	138	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	-9	-9	-9	156	156	-9	266	268	-9	331	355	-9									

Tabla 23: Genotipos multilocus (MLG) de 210 muestras de referencia de los 166 MLG del linaje clonal EC-1 (MLG114 – MLG144), cantidad de alelos y frecuencia en la población.

Muestra de referencia	D13			SSR8			SSR4			Pi04			Pi70			SSR6			Pi63			G11			SSR3_Pi02			SSR11			SSR2			Pi4B			MLG	N° de Alelos	Frecuencia (%)	
	Alelo 1	Alelo 2	Alelo 3	Alelo 1	Alelo 2	Alelo 3	Alelo 1	Alelo 2	Alelo 3	Alelo 1	Alelo 2	Alelo 3	Alelo 1	Alelo 2	Alelo 3	Alelo 1	Alelo 2	Alelo 3	Alelo 1	Alelo 2	Alelo 3	Alelo 1	Alelo 2	Alelo 3	Alelo 1	Alelo 2	Alelo 3	Alelo 1	Alelo 2	Alelo 3	Alelo 1	Alelo 2	Alelo 3							
126	PP172F	136	138	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	114	22	0.57%
127	PHCA45bF	136	138	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	114	22	0.57%
128	PAMA10A	136	138	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	114	22	0.57%
129	PHCA38F	136	138	-9	266	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	-9	-9	-9	115	18	0.14%
130	PPI92F	136	136	-9	266	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	116	20	0.29%
131	PPI94F	136	136	-9	260	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	117	21	0.14%
132	PJU071F	134	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	329	331	355	173	175	-9	204	213	217	118	23	0.14%
133	PPI155F	136	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	329	331	355	173	175	-9	204	213	217	119	22	0.14%
134	PPI83A	132	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	329	331	355	173	175	-9	204	213	217	120	23	0.14%
135	PPI86A	132	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	266	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	121	23	0.14%
136	PCA12F	132	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	160	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	122	23	0.14%
137	PCA77A	132	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	122	23	0.14%
138	PCZ211F	132	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	123	22	0.57%
139	PPI95A	132	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	124	22	0.14%
140	PCA22F	136	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	270	276	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	124	22	0.14%
141	PCA75A	136	136	-9	264	266	-9	284	292	294	160	166	170	192	192	-9	242	244	246	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	125	23	0.14%
142	PCA19F	136	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	246	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	126	22	0.14%
143	PCA14F	136	138	-9	264	266	-9	284	292	294	160	166	170	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	127	23	0.14%
144	PPI75A	136	136	-9	264	266	-9	284	292	294	160	166	170	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	128	22	0.86%
145	PPI82A	136	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	154	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	128	22	0.86%
146	PAMA31A	136	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	154	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	129	22	0.57%
147	PCA16F	130	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	130	22	0.14%
148	PAMA9A	136	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	272	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	131	22	0.14%
149	PPI101A	136	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	173	-9	204	213	217	132	20	0.14%
150	PPI188F	136	136	-9	264	264	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	133	20	0.14%
151	PCA13F	136	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	-9	-9	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	134	20	0.43%
152	PPI193F	136	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	-9	-9	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	134	20	0.43%
153	PPI100A	136	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	273	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	135	22	0.14%
154	PCA76A	136	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	136	21	8.70%
155	PPI68A	136	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	136	21	8.70%
156	PAMA28A	136	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	136	21	8.70%
157	PHU6F	128	136	-9	264	266	-9	284	292	-9	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	137	21	0.14%
158	PAN96F	136	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	138	21	0.29%
159	PHCA51F	136	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	138	21	0.29%
160	PHCA72A	134	136	138	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	139	23	0.14%
161	PAN98F	130	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	140	22	0.14%
162	PAN31A	130	136	138	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	141	23	0.29%
163	PHCA105A	130	136	138	264	266																																		

Tabla 24: Genotipos multilocus (MLG) de 210 muestras de referencia de los 166 MLG del linaje clonal EC-1 (MLG145 – MLG176), cantidad de alelos y frecuencia en la población.

Muestra de referencia	D13			SSR8			SSR4			Pi04			Pi70			SSR6			Pi63			G11			SSR3_Pi02			SSR11			SSR2			Pi4B			MLG	N° de Alelos	Frecuencia (%)	
	Alelo1	Alelo2	Alelo3	Alelo1	Alelo2	Alelo3	Alelo1	Alelo2	Alelo3	Alelo1	Alelo2	Alelo3	Alelo1	Alelo2	Alelo3	Alelo1	Alelo2	Alelo3	Alelo1	Alelo2	Alelo3	Alelo1	Alelo2	Alelo3	Alelo1	Alelo2	Alelo3	Alelo1	Alelo2	Alelo3	Alelo1	Alelo2	Alelo3	Alelo1	Alelo2	Alelo3				
167	PHCA117A	136	138	-9	264	266	-9	284	292	296	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	145	22	0.29%
168	PHCA120A	136	138	-9	264	266	-9	284	292	296	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	173	-9	204	207	217	146	21	0.14%
169	PAN44A	136	138	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	154	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	147	23	0.86%
170	PHCA123A	136	138	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	154	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	147	23	0.86%
171	PCO108A	136	138	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	154	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	147	23	0.86%
172	PHCA106A	136	138	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	154	156	-9	268	270	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	148	24	0.14%
173	PHCA80A	136	138	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	270	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	149	23	3.28%
174	PJU31A	136	138	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	270	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	149	23	3.28%
175	PHU59F	132	138	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	150	22	0.29%
176	PHCA24F	132	138	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	150	22	0.29%
177	PHCA82A	136	138	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	173	-9	204	207	217	151	21	0.14%
178	PJU16F	132	136	138	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	173	-9	204	207	217	152	22	0.14%
179	PHU23F	136	138	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	153	22	9.70%
180	PAN34A	136	138	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	153	22	9.70%
181	PHCA87A	136	138	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	153	22	9.70%
182	PCO104A	136	138	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	153	22	9.70%
183	PAN100F	136	138	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	-9	-9	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	154	21	0.29%
184	PJU52F	136	138	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	-9	-9	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	154	21	0.29%
185	PJU067F	136	140	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	155	22	0.14%
186	PHCA54F	136	140	-9	266	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	270	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	156	22	0.14%
187	PHCA110A	136	140	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	270	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	157	23	1.00%
188	PAN126F	130	140	-9	264	264	-9	284	292	300	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	329	331	355	173	175	-9	204	207	217	158	22	0.14%
189	PAN119F	130	140	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	-9	-9	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	159	21	0.14%
190	PAN40A	130	140	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	160	22	0.57%
191	PAN28A	134	140	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	161	22	3.00%
192	PHCA78A	134	140	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	161	22	3.00%
193	PCO117A	134	140	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	161	22	3.00%
194	PAN84F	134	140	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	-9	-9	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	162	21	0.29%
195	PCZ224F	134	134	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	163	21	0.14%
196	PHU55F	132	134	-9	262	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	164	22	0.14%
197	PHCA19F	132	134	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	165	22	0.14%
198	PCAC1-1F	132	134	146	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	166	23	0.14%
199	PCAC2-1F	132	134	146	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	195	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	167	24	0.14%
200	PHU5F	134	136	-9	266	266	-9	284	292	-9	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	168	20	0.14%
201	PAN139F	134	136	-9	266	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	-9	169	20	0.14%
202	PLL68A	134	136	-9	264	266	-9	284	292	298	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	170	22	0.14%
203	PHU31F	134	136	-9	264	266	-9	284	292	302	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	171	21	0.57%
204	PHU58F	134	134	-9	264	266	-9	284	292	-9																														

Tabla 25: Genotipos multilocus (MLG) de 210 muestras de referencia de los 166 MLG del linaje clonal EC-1 (MLG177 – MLG205), cantidad de alelos y frecuencia en la población.

Muestra de referencia	D13			SSR8			SSR4			Pi04			Pi70			SSR6			Pi63			G11			SSR3_Pi02			SSR11			SSR2			Pi4B			MLG	N° de Alelos	Frecuencia (%)	
	Alelo 1	Alelo 2	Alelo 3	Alelo 1	Alelo 2	Alelo 3	Alelo 1	Alelo 2	Alelo 3	Alelo 1	Alelo 2	Alelo 3	Alelo 1	Alelo 2	Alelo 3	Alelo 1	Alelo 2	Alelo 3	Alelo 1	Alelo 2	Alelo 3	Alelo 1	Alelo 2	Alelo 3	Alelo 1	Alelo 2	Alelo 3	Alelo 1	Alelo 2	Alelo 3	Alelo 1	Alelo 2	Alelo 3	Alelo 1	Alelo 2	Alelo 3				
209	PCO121A	134	140	-9	264	266	-9	284	292	296	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	177	22	0.29%
210	PJU69F	134	136	-9	264	266	-9	284	292	296	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	272	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	178	23	0.14%
211	PHU10F	134	136	-9	264	266	-9	284	292	296	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	160	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	179	23	1.43%
212	PHCA115A	134	136	-9	264	266	-9	284	292	296	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	160	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	180	22	1.14%
213	PHU95A	134	136	-9	264	266	-9	284	292	296	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	180	22	1.14%
214	PAN121F	134	136	-9	264	266	-9	284	292	296	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	180	22	1.14%
215	PCZ230A	134	136	-9	264	266	-9	284	292	296	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	180	22	1.14%
216	PCO118A	134	136	-9	264	266	-9	284	292	296	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	180	22	1.14%
217	PLL61A	134	136	-9	264	266	-9	284	294	296	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	181	22	0.29%
218	PHU94A	134	136	-9	264	266	-9	284	290	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	182	22	0.29%
219	PJU71F	134	136	-9	264	266	-9	284	290	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	-9	-9	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	183	21	0.14%
220	PHU3F	134	136	-9	264	266	-9	284	294	-9	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	184	21	0.86%
221	PHCA65F	134	136	-9	264	266	-9	284	294	-9	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	184	21	0.86%
222	PCO120A	134	136	-9	264	266	-9	284	294	-9	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	185	21	0.29%
223	PHU11F	134	136	-9	264	266	-9	288	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	185	21	0.29%
224	PJU47F	134	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	-9	-9	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	-9	-9	-9	186	18	0.14%
225	PJU25F	134	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	-9	-9	-9	156	156	-9	268	272	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	187	22	0.14%
226	PCO128A	134	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	154	156	-9	268	272	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	188	24	0.14%
227	PHU50F	134	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	266	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	189	23	0.14%
228	PJU069F	134	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	154	156	-9	266	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	190	24	0.14%
229	PHU99A	134	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	160	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	191	23	0.86%
230	PJU35F	134	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	154	160	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	192	23	0.14%
231	PJU065F	134	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	329	331	355	173	175	-9	204	207	217	193	23	1.14%
232	PJU066F	134	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	154	156	-9	268	268	-9	329	331	355	173	175	-9	204	207	217	194	24	0.14%
233	PJU63F	134	136	-9	264	266	-9	284	292	-9	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	154	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	195	22	0.14%
234	PHU97A	134	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	154	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	196	23	0.57%
235	PAN30A	134	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	154	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	196	23	0.57%
236	PJU26A	134	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	154	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	197	23	0.14%
237	PJU19F	134	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	270	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	197	23	0.14%
238	PCO113A	134	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	201	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	198	23	0.14%
239	PJU34A	134	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	264	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	199	23	0.14%
240	PJU27A	134	136	-9	264	266	-9	284	292	294	160	166	170	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	173	-9	204	207	217	200	22	0.14%
241	PJU17F	134	134	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	-9	-9	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	173	-9	204	207	217	201	19	0.14%
242	PHCA88A	134	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	173	-9	204	207	217	202	21	0.57%
243	PJU20F	134	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	173	-9	204	207	217	202	21	0.57%
244	PJU68F	134	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	-9	-9	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	173	-9	204	207	217	203	20	0.14%
245	PHU92A	134	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	204	22	18.12%
246	PAN39A	134	136	-9	264	266	-9	284																																

3.4.2.1. ANÁLISIS DE ESTRUCTURA GENÉTICA

A partir de la matriz de datos con corrección de clones, conformada por las 252 muestras de referencia de los 205 genotipos multilocus identificados (Tab. 20, 21, 22, 23, 24 y 25), y los 5 aislamientos control y referencia de los linajes clonales US-1, EC-1, PE-3, PE-7, y PE-8 (Tab. 19); se analizó la estructura genética de la población.

3.4.2.1.1. ESTRUCTURA GENÉTICA ESPACIAL

El resultado del cálculo de Delta K (ΔK) en la herramienta en línea *Structure Harvester*, reveló el mayor promedio para $K = 2$ (Figura 39, A), dividiendo los 205 genotipos multilocus en dos subpoblaciones. Así también, en el diagrama de barras según el coeficiente de pertenencia a la agrupación (Q value) se observaron los colores rojo y verde para los grupos 1 y 2 respectivamente (Figura 39; B, C).

3.4.2.1.2. ANÁLISIS DE AGRUPAMIENTO

En el Análisis de Coordenadas Principales (PCA) se observa que los genotipos multilocus se asocian en dos grupos definidos (Figura 40) que corresponden a los dos grupos identificados en el análisis de estructura genética espacial. Igualmente, el dendrograma se construyó en el software *DARwin 6.0.13* utilizando el coeficiente de disimilaridad de Dice y el método de construcción del vecino más cercano (Neighbor joining) (Figura 41).

Finalmente, al graficar el dendrograma y el diagrama de barras obtenidos en *DARwin 6.0.13* y *STRUCTURE 2.3.4* respectivamente, en la herramienta en línea *iTOL v5 – Interactive Tree of Life* se comprobó que los patrones de agrupación y subestructuración ($K=2$) concuerdan entre sí, determinando que la población estudiada estaba subestructurada genéticamente en dos grupos o subpoblaciones: El Grupo 1 compartió ascendencia con el aislamiento control PCZ007, y los 39 MLGs que lo conforman presentaron el haplotipo mitocondrial *Ia*, por lo cual corresponde al linaje clonal PE-3; mientras el Grupo 2 estuvo filogenéticamente relacionado con el aislamiento control POX067, y los 166 MLGs que lo componen tuvieron el haplotipo mitocondrial *Ila*, por lo cual pertenece al linaje clonal EC-1 (Figura 41). Por su lado, los aislamientos control PCA023, PPU103, POX119 que sirvieron de referencia de los linajes PE-7, US-1 y PE-8 respectivamente, mostraron relativa segregación frente a dichas agrupaciones en todos los análisis. Los resultados del análisis de estructura genética espacial fueron consistentes con el PCA.

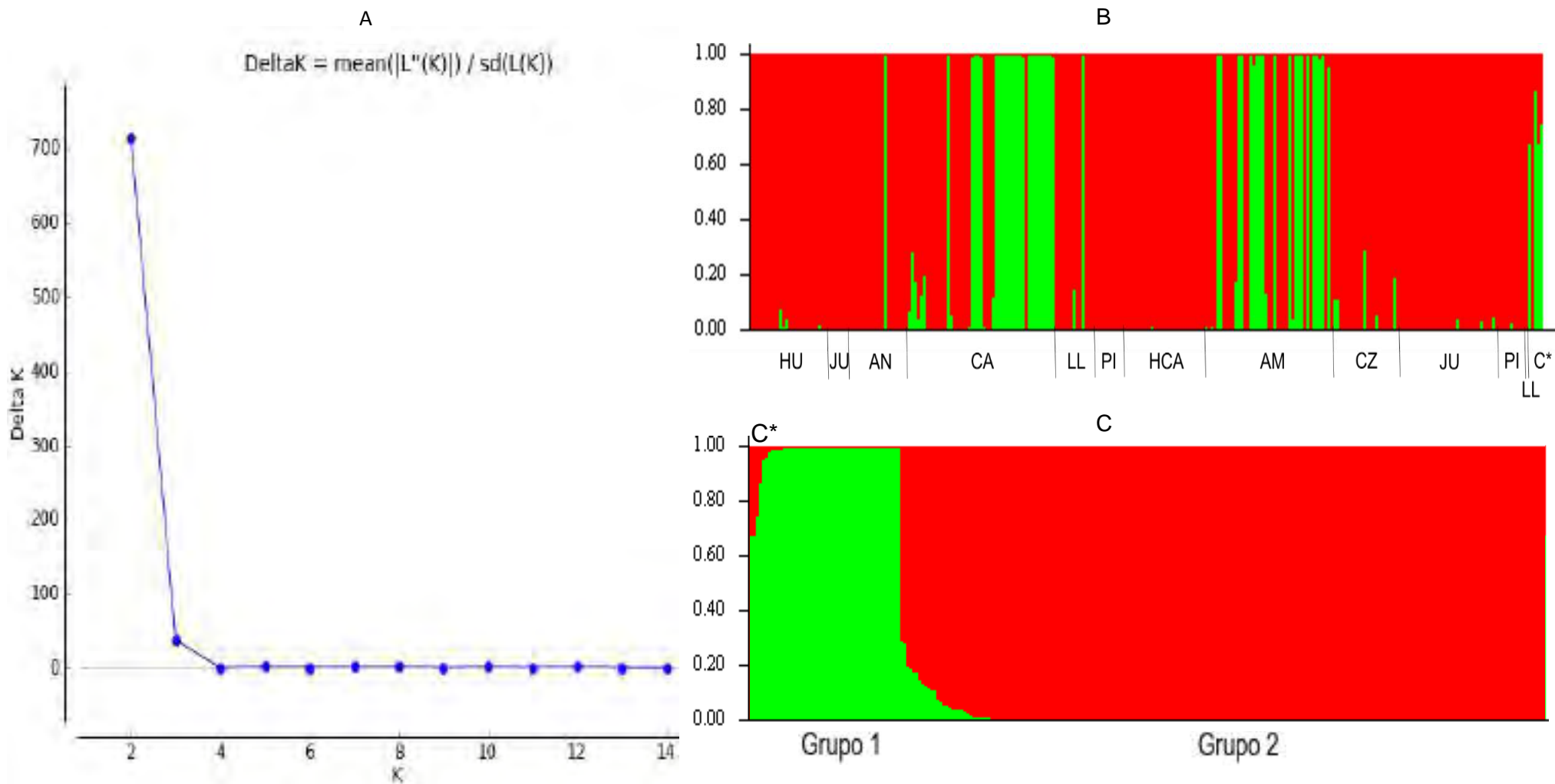


Figura 39: Análisis de Estructura Genética Espacial en el software *STRUCTURE 2.3.4*: (A) Resultado del cálculo de ΔK que reveló un único pico distinto en $K = 2$. (B) Diagrama de barras de $K = 2$ organizada por región geográfica, donde HU: Huánuco, AN: Ancash, CA: Cajamarca, LL: La Libertad, PI: Piura, HCA: Huancavelica, AM: Amazonas, CZ: Cusco, JU: Junín y C*: Aislamientos de referencia. (C) Diagrama de barras de $K = 2$ organizada de acuerdo al valor de Q en grupos 1 y 2.

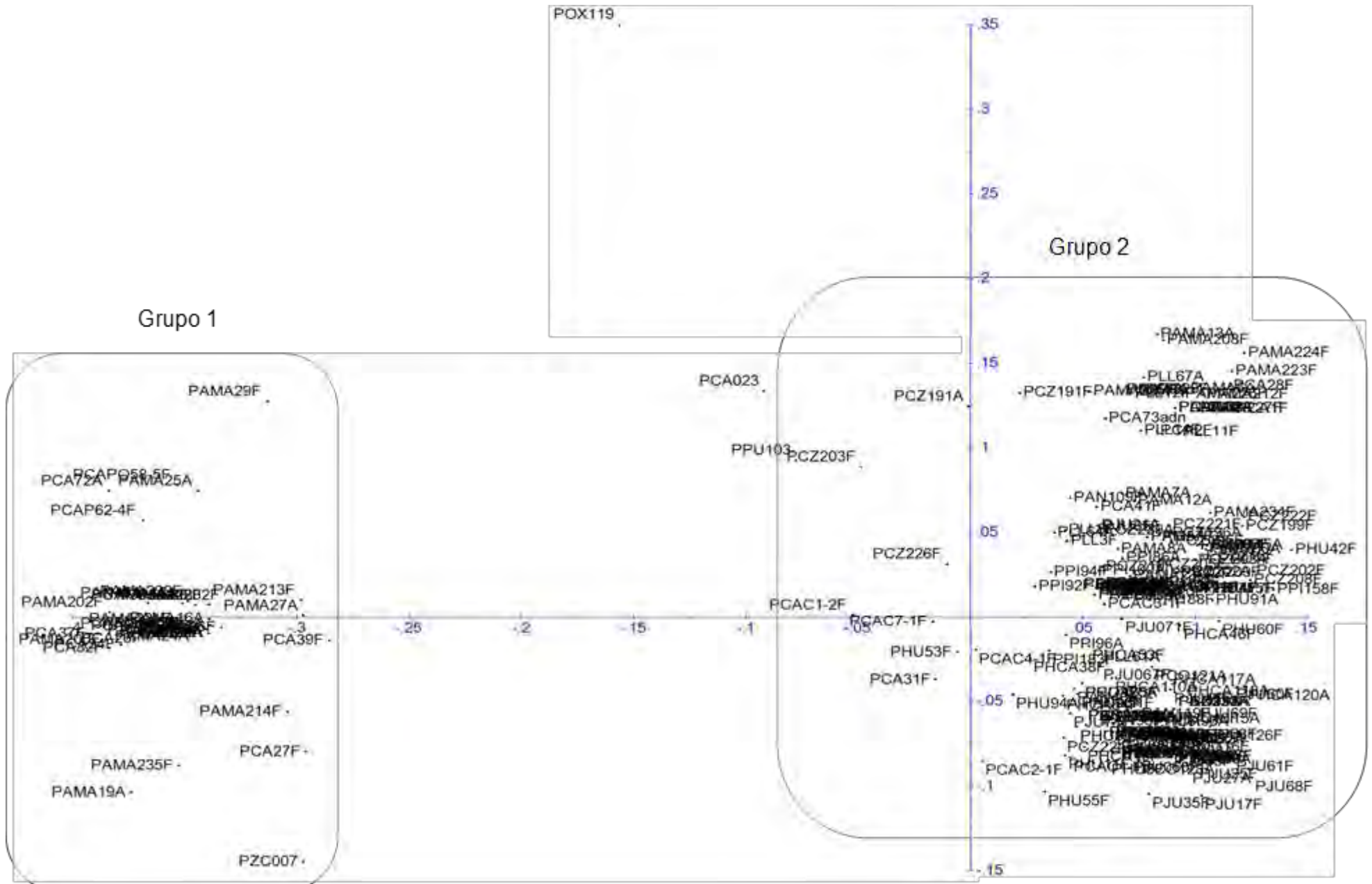


Figura 40: Análisis de Coordenadas Principales (PCA) generado en el software *DARwin* 6.0.13, que muestra dos grupos definidos.

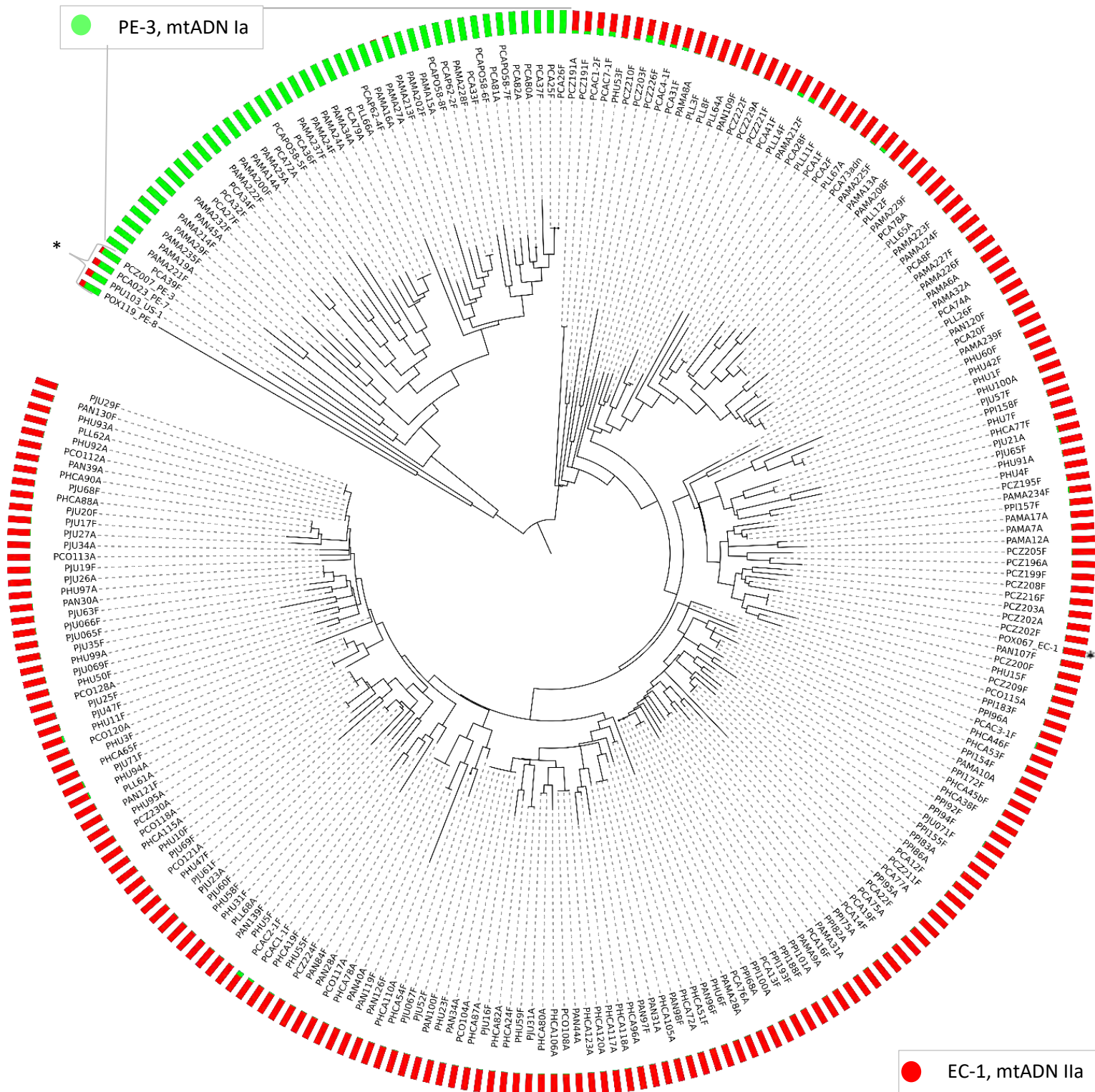


Figura 41: Dendrograma circular de 205 genotipos multilocus y diagrama de estructura genética de K=2 alrededor, graficados en la herramienta *iTOOL* v5 (*aislamiento control) para determinación de linajes clonales.

3.4.2.2. ANÁLISIS DE DIVERSIDAD GENÉTICA

3.4.2.2.1. DIVERSIDAD GÉNICA

3.4.2.2.1.1. CONTENIDO DE INFORMACIÓN POLIMÓRFICA (PIC)

En los genotipos identificados, se encontraron 68 alelos diferentes para los 12 loci variando desde dos para *Pi63* y *SSR2*, hasta quince para *D13*. Conociendo la frecuencia de los alelos para cada locus en la población de 701 muestras (f), se calculó el Contenido de Información Polimórfica (PIC) el cual reveló que los marcadores microsatélites más polimórficos son *Pi4B* (0.75), *SSR4* (0.74) y *D13* (0.72), seguidos de *SSR11* (0.56), *Pi04* (0.51), *SSR6* (0.50), *SSR8* (0.50), y *SSR2* (0.50) que presentan un nivel medio de polimorfismo, mientras los valores más bajos pertenecen a *G11* (0.29), *SSR3_Pi02* (0.21), *Pi70* (0.17) y *Pi63* (0.01) como se observa en la Tabla 24.

Tabla 26: Contenido de Información Polimórfica (PIC) obtenido para los 12 marcadores microsatélites (SSR), hallado en función de las frecuencias alélicas absolutas (f).

	LOCI	Alelos y Frecuencias															PIC
		15	120	128	130	132	134	136	138	140	142	144	146	148	150	152	
1	<i>D13</i>	f = 6	9	11	40	310	558	131	99	19	14	25	11	12	2	2	0.72
2	<i>SSR8</i>	f = 1	2	630	699												0.50
3	<i>SSR4</i>	f = 629	6	7	68	555	573	132	6	13	8	9					0.74
4	<i>Pi04</i>	f = 12	701	688													0.51
5	<i>Pi70</i>	f = 701	69	2													0.17
6	<i>SSR6</i>	f = 638	701	3													0.50
7	<i>Pi63</i>	f = 2	655														0.01
8	<i>G11</i>	f = 4	31	686	6	32	27	32	1								0.29
9	<i>SSR3_Pi02</i>	f = 2	33	700	40	13	1										0.21
10	<i>SSR11</i>	f = 22	632	67	700												0.56
11	<i>SSR2</i>	f = 638	686														0.50
12	<i>Pi4B</i>	f = 631	64	390	240	644	42	1									0.75

3.4.2.2.1.2. ALELOS DE LOS LINAJES CLONALES

Del total de 68 alelos registrados, un primer grupo de 35 alelos fueron comunes entre los linajes EC-1 y PE-3; un segundo grupo de 26 alelos encontrados en todos los marcadores excepto *Pi04*, son exclusivos de EC-1 y ocho de ellos también se presentan en el aislamiento de referencia POX067; por último, los 7 alelos restantes que corresponden a *D13* y *G11*, son propios de PE-3 mas no coinciden con PCZ007 (Tabla 25).

Tabla 27: Distribución de los 68 alelos registrados entre los linajes clonales EC-1 y PE-3.

Linaje clonal	Alelos por SSR		Linaje clonal	Alelos por SSR	
	<i>D13</i>	15		<i>PI63</i>	2
EC-1	128, 130, 132, 134, 136, 138	6	EC-1	273	1
EC-1/PE-3	140, 142, 144, 146, 148	5	EC-1/PE-3	279	1
PE-3	120, 150, 152, 154	4	PE-3	-	-
	SSR8	4		G11	8
EC-1	260	1	EC-1	-	-
EC-1/PE-3	262, 264, 266	3	EC-1/PE-3	152, 154, 156, 158, 160	5
PE-3	-	-	PE-3	162, 166, 170	3
	SSR4	11		SSR3	6
EC-1	286, 300, 302, 304	4	EC-1	264, 266, 272, 276	4
EC-1/PE-3	284, 288, 290, 292, 294, 296, 298	7	EC-1/PE-3	268, 270	2
PE-3	-	-	PE-3	-	-
	Pi04	3		SSR11	4
EC-1	-	-	EC-1	331	1
EC-1/PE-3	160, 166, 170	3	EC-1/PE-3	329, 341, 355	3
PE-3	-	-	PE-3	-	-
	Pi70	3		SSR2	2
EC-1	201	1	EC-1	173	1
EC-1/PE-3	192, 195	2	EC-1/PE-3	175	1
PE-3	-	-	PE-3	-	-
	SSR6	3		Pi4B	7
EC-1	242, 246	2	EC-1	204, 207, 213, 221, 225	5
EC-1/PE-3	244	1	EC-1/PE-3	205, 217	2
PE-3	-	-	PE-3	-	-

De los 68 alelos registrados, 22 están distribuidos en los 9 departamentos comprendidos dentro del área de muestreo.

Se observó un grupo de alelos exclusivos de las muestras de *P. infestans* en Cajamarca (*D13*-120, *G11*-170, *SSR3*-276, *Pi4B*-225), Amazonas (*D13*-152, 154) y Piura (*SSR8*-260). Otros alelos se presentaron sólo en la región norte (*D13*-140, 142, 144, 146, 148, 150; *SSR4*-298; *G11*-152, 162, 166; *Pi4B*-205, 221), o centro - sur (*D13*-128, 140; *SSR4*-300, 302, 304; *Pi70*-201) de los Andes Peruanos. Por último, algunos alelos presentan una distribución aparentemente aleatoria (Tabla 26).

Tabla 28: Distribución geográfica de los alelos por departamento de procedencia.

Departamento	Alelos por Marcador Microsatélite														
	D13														
	120	128	130	132	134	136	138	140	142	144	146	148	150	152	154
Piura				X	X	X	X								
Cajamarca	X		X	X	X	X		X	X	X	X	X	X		
Amazonas				X		X		X	X	X	X	X	X	X	X
La Libertad					X	X	X	X	X	X	X				
Ancash			X		X	X	X	X	X						
Huánuco		X		X	X	X	X								
Junín		X		X	X	X	X	X							
Huancavelica			X	X	X	X	X	X							
Cusco				X	X	X	X	X							
Departamento	SSR8					SSR4									
	260	262	264	266	284	286	288	290	292	294	296	298	300	302	304
Piura	X		X	X	X				X	X	X	X			
Cajamarca		X	X	X	X			X	X	X	X	X			
Amazonas			X	X	X		X	X	X	X	X	X			
La Libertad			X	X	X			X	X	X	X	X	X		
Ancash			X	X	X		X		X	X	X		X		
Huánuco		X	X	X	X		X	X	X	X	X		X	X	X
Junín			X	X	X			X	X	X	X		X	X	X
Huancavelica			X	X	X				X	X	X			X	
Cusco			X	X	X	X	X	X	X	X	X			X	X
Departamento	Pi04			Pi70			SSR6			Pi63		SSR11			
	160	166	170	192	195	201	242	244	246	273	279	329	331	341	355
Piura	X	X	X	X			X	X		X	X	X	X		X
Cajamarca	X	X	X	X	X		X	X	X		X	X	X	X	X
Amazonas	X	X	X	X	X		X	X			X	X	X	X	X
La Libertad		X	X	X	X		X	X			X	X	X	X	X
Ancash		X	X	X	X		X	X			X	X	X	X	X
Huánuco		X	X	X			X	X	X		X	X	X		X
Junín	X	X	X	X		X	X	X			X	X	X		X
Huancavelica	X	X	X	X			X	X			X		X		X
Cusco		X	X	X	X	X	X	X		X	X	X	X	X	X
Departamento	G11								SSR3						
	152	154	156	158	160	162	166	170	264	266	268	270	272	276	
Piura		X	X							X	X				
Cajamarca	X		X	X	X	X	X	X	X		X	X		X	
Amazonas	X	X	X		X	X	X			X	X	X	X		
La Libertad		X	X			X				X	X				
Ancash		X	X	X	X		X			X	X				
Huánuco		X	X	X	X					X	X		X		
Junín		X	X	X	X				X	X	X	X	X		
Huancavelica		X	X		X					X	X	X			
Cusco			X	X	X					X	X		X		
Departamento	SSR2		Pi4B												
	173	175	204	205	207	213	217	221	225						
Piura	X	X	X			X	X								
Cajamarca	X	X	X	X	X	X	X	X	X						
Amazonas	X	X	X	X		X	X	X							
La Libertad	X	X	X	X	X	X	X	X							
Ancash	X	X	X	X	X	X	X								
Huánuco	X	X	X		X	X	X								
Junín	X	X	X		X	X	X								
Huancavelica	X	X	X		X	X	X								
Cusco	X	X	X		X	X	X								

3.4.2.2.2. DIVERSIDAD GENOTÍPICA

La diversidad de genotipos multilocus fue calculada mediante el índice de Nei (H) que reveló un alto nivel de diversidad genotípica para la población de 701 muestras (0.95). Así mismo y con fines comparativos, este índice fue calculado para los nueve departamentos indicando que la mayor diversidad genotípica se encuentra en Amazonas y Cajamarca (0.97), seguidas de Cusco (0.92), La Libertad y Junín (0.84), Huánuco y Ancash (0.81), Huancavelica (0.80), y por último Piura (0.62) como se observa en la Tabla 27.

Tabla 27: Diversidad de genotipos multilocus (MLGs) en cada departamento según el Índice de Nei (H).

Departamento	Muestras	MLGs	H
Amazonas	71	41	0.97
Ancash	84	21	0.81
Cajamarca	67	45	0.97
Cusco	52	22	0.92
Huancavelica	128	26	0.80
Huánuco	73	27	0.81
Junín	121	39	0.84
La Libertad	35	13	0.84
Piura	70	19	0.62

Si bien el flujo de genes no es posible debido a la ausencia de la reproducción sexual, se evidenció cierta relación entre la diversidad génica (Tabla 26) y genotípica (Tabla 27) de las poblaciones; pues en Amazonas y Cajamarca donde se observó mayor diversidad genotípica según el índice de Nei (0.97), también se detectó la mayor cantidad de alelos exclusivos por departamento y por región norte de los Andes. Una situación parecida sucede en Cusco (0.92) donde se observa un alelo en particular y tres exclusivos del Sur.

De forma similar sucedió en La Libertad y Junín (0.84), Huánuco y Ancash (0.81), y Huancavelica (0.80) donde a pesar de no haber alelos exclusivos de cada departamento, habían dos o más alelos propios de la región norte o centro-sur de los Andes. Por último, en el caso de Piura (0.62) la diversidad es la más baja debido a que presenta un único alelo exclusivo y un solo alelo particular de los Andes del norte.

Entre los linajes clonales, la diversidad de genotipos fue mayor para EC-1 con 166 MLGs, que para PE-3 con 39 MGLs (Figura 41); mostrando relación con la diversidad génica de cada linaje clonal ya que, a pesar de los 35 alelos en común, EC-1 presentó 26 alelos exclusivos frente a los 8 alelos propios de PE-3 (Tabla 25). Así mismo, se observa una clara diferencia en cuanto al nivel de ploidía de los linajes clonales, como se describe a continuación.

Por un lado, la mayoría de genotipos EC-1 presentaron tres alelos en los marcadores *SSR4* y *Pi4B* al igual que sucedió en el aislamiento de referencia POX067; sin embargo, la población actual también exhibió tres alelos en cinco marcadores adicionales (*D13*, *Pi04*, *SSR6*, *SSR3_Pi02*, *SSR11*); es así que únicamente tres MLGs de la subpoblación de EC-1 (MLG44, MLG172, MLG173) presentaron dos alelos en todos sus marcadores, mientras en los otros 163 MLGs se observó conjuntamente dos (*SSR8*, *Pi70*, *Pi63*, *G11*, *SSR2*) y tres alelos (*D13*, *SSR4*, *Pi04*, *SSR6*, *SSR3_Pi02*, *SSR11*, *Pi4B*) en al menos un locus. En consecuencia, los genotipos multilocus que conformaron el linaje clonal EC-1 poseían entre 17 (MLG39 y MLG73) y 25 alelos diferentes (MLG142), siendo los MLGs más abundantes aquellos de 22 y 23 alelos (Tablas 19, 20, 21, 22 y 23). Adicionalmente, el genotipo de POX067 fue encontrado en el presente estudio en 2 muestras de Cusco y 1 de Ancash agrupándose en el MLG104.

Por otro lado, los genotipos multilocus que constituyeron el linaje clonal PE-3 eran principalmente diploides al igual que el aislamiento de referencia PCZ007, pues mostraron dos alelos para todos los loci (32 MLGs) y sólo una pequeña fracción de siete MLGs (MLG8, MLG17, MLG21, MLG25, MLG29, MLG32, MLG35 distribuidos en Cajamarca y Amazonas) mostró tres alelos en al menos un locus (*SSR4*, *Pi04*, *SSR11*). Consecuentemente, los genotipos PE-3 presentaron entre 17 (MLG3) y 20 alelos (MLG2, MLG6, MLG17, MLG32, MLG36, MLG37), siendo los MLGs más abundantes aquellos de 18 y 19 alelos (Tabla 18). Actualmente, no se encontró ningún MLG con el mismo perfil de bandas del aislamiento de referencia PCZ007, y su alelo 134 en el marcador *D13* tampoco fue detectado en la población actual de PE-3.

Conforme con este nivel de diversidad genotípica observada entre los linajes clonales, 28 MLGs de EC-1 sumados a 2 MLGs de PE-3 constituyeron un grupo de 30 genotipos distribuidos comúnmente entre dos o más departamentos (Figura 42).

Por un lado están los genotipos del linaje EC-1, en el que MLG204 es el de mayor frecuencia (18.1 %) y distribución (5 departamentos) encontrándose desde el centro hacia el norte en los Andes de Huancavelica, Junín, Huánuco, Ancash y La Libertad. De forma similar, el MLG153 (9.7 %, 4 departamentos) se extiende en los Andes centrales entre Huancavelica, Junín, Huánuco y Ancash; mientras el MLG180 (1.1 %, 4 departamentos) se extiende del centro al sur de los Andes presentándose en Ancash, Huánuco, Junín y Cusco.

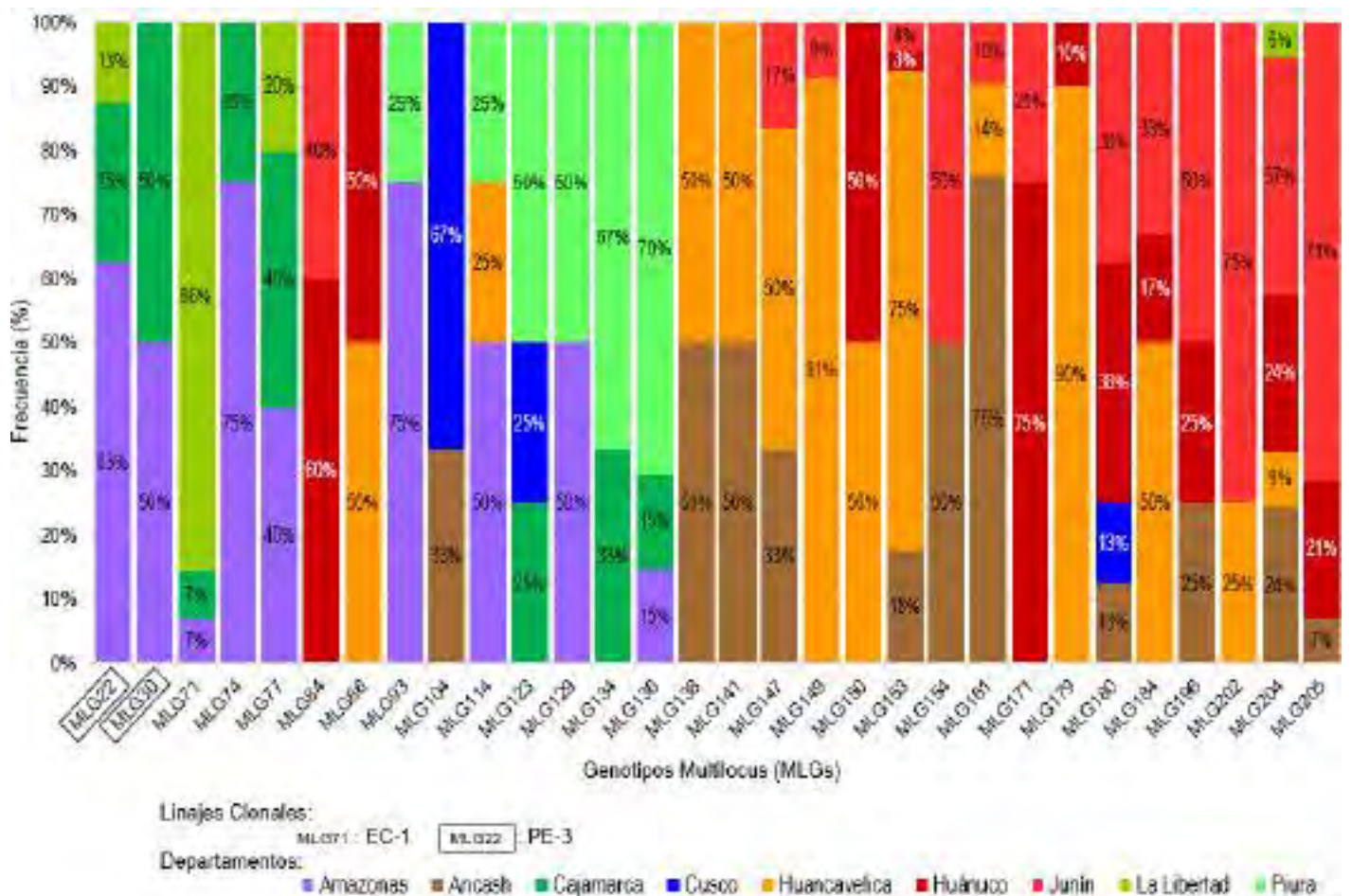


Figura 42: Distribución de los 30 genotipos multilocus comunes en dos o más departamentos.

Por otro lado, los genotipos mayormente distribuidos del linaje PE-3 se encontraron en el norte de los Andes, es así que MLG22 (1.1 %, 3 departamentos) se detectó en Amazonas, Cajamarca y La Libertad, y MLG30 (0.9 %, 2 departamentos) se encontró en Cajamarca y Amazonas (Figura 42).

Sólo en el caso de EC-1 también se observaron genotipos comunes entre departamentos que distan ampliamente entre sí, es el caso de MLG104 (0.4 %) detectado en Cusco y Ancash; MLG114 (0.6 %), en Huancavelica, Amazonas y Piura; MLG123 (0.6 %), en Cajamarca, Cusco y Piura (Figura 42).

Una característica que comparten estos seis genotipos EC-1 (MLG104, MLG114, MLG123, MLG153, MLG180, MLG204), además de poseer los mismos alelos en la mayoría de loci, es la triploidía en *SSR4* y *Pi4B*. Esta particularidad es propia de los 28 MLGs comunes en dos o más departamentos; y se extiende a la mayoría de los genotipos del linaje clonal EC-1 con la salvedad de que muchos MLGs también presentan tres alelos en otros cinco marcadores (*D13*, *Pi04*, *SSR6*, *SSR3_Pi02*, *SSR11*) en diferentes departamentos (Anexo 2).

De esta manera se concluyó que la subestructuración genética de la población de *P. infestans* en los cultivos de papa del Perú durante 2016 y 2017, estuvo determinada por los linaje clonales EC-1 y PE-3, siendo el primero dominante sobre el segundo, pues EC-1 aglomeró el 91% de la población (638 muestras) y estuvo distribuido ampliamente en toda el área de estudio así como en todas las especies de papa cultivada muestreadas; en contraste, el linaje clonal PE-3 concentró el 9% de la población (63 muestras) y provino únicamente de *S. tuberosum* y *S. chaucha* de Amazonas, Ancash, Cajamarca y La Libertad (Figura 43).

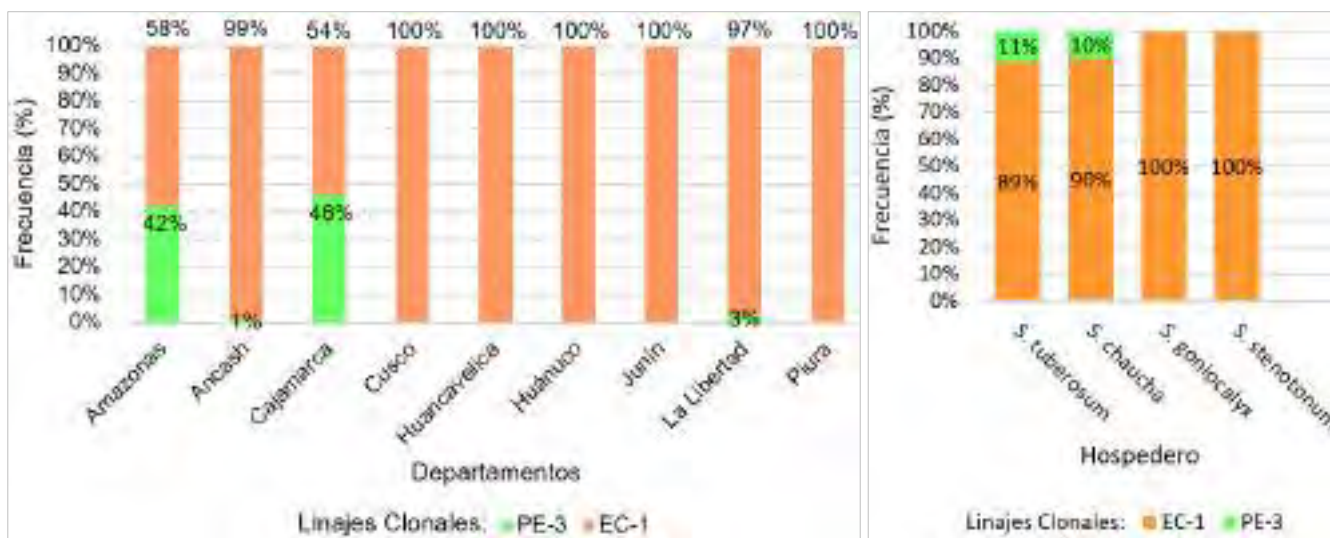


Figura 43: Frecuencia de EC-1 y PE-3 en A) Departamentos y B) Especies de papa cultivada.

Respecto a la respuesta a metalaxyl de cada linaje clonal, EC-1 se caracterizó por estar compuesto principalmente de aislamientos resistentes (94.4%) mientras PE-3, por aislamientos sensibles (43.75%) como se observa en la figura 44-A. Sin embargo, la susceptibilidad de EC-1 a metalaxyl se observó únicamente en Cajamarca, La Libertad y Amazonas, donde mencionado linaje se encontró asociado a PE-3.

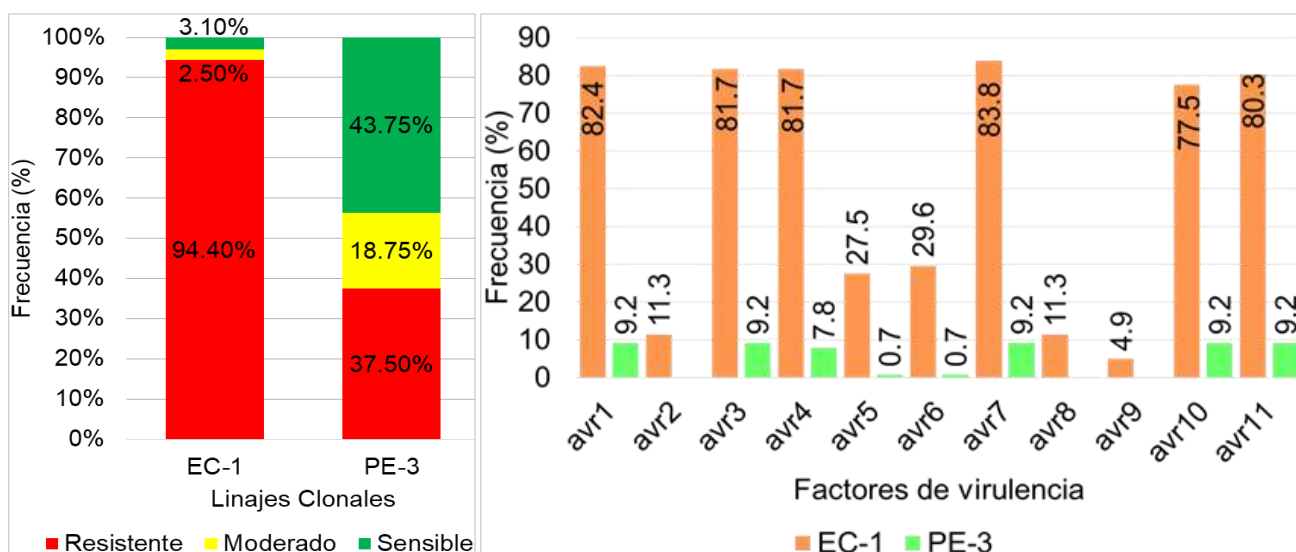


Figura 44: A) Respuesta a metalaxyl y B) Factores de virulencia observados en EC-1 y PE-3.

En relación a la virulencia de cada linaje clonal, aun cuando R(1,3,4,7,10,11) es la raza más frecuente para ambos linajes clonales, la diversidad racial y la cantidad de factores de virulencia observadas en EC-1 (39 razas fisiológicas, *avr1* – *avr11*) son mayores a las que presentó PE-3 (6 razas fisiológicas; *avr1*, *avr3*, *avr4*, *avr5*, *avr6*, *avr7*, *avr10*, *avr11*) como se señala en la figura 44-B.

Si bien los 6 MLGs de tipo EC-1 comunes entre dos o más departamentos que distan ampliamente entre sí (MLG104, MLG114, MLG123) y aquellos de mayor frecuencia y distribución (MLG153, MLG180, MLG204); exhibieron resistencia a metalaxyl, presentaron marcadas diferencias respecto a la virulencia (Anexo 2): MLG123 y MLG114 poseen hasta 4 y 5 factores de virulencia respectivamente, mientras MLG180 y MLG153, 6 y 8 correspondientemente, y por último MLG204 posee hasta 10 factores de virulencia. También se observó que los genotipos que se diversificaron con anterioridad (MLG104, MLG114 y MLG123) fueron encontrados en bajas frecuencias y afectando sólo una o dos especies de papa cultivada en dos o tres regiones; en contraste, los más recientes (MLG153, MLG180, MLG204) fueron detectados en mayores frecuencias y hasta en las cuatro especies de papa cultivada a partir de las cuales se realizó el muestreo (*Solanum tuberosum*, *S. goniocalyx*, *S. chaucha*, *S. stenotomum*) en cuatro o hasta cinco departamentos.

Adicionalmente, en el MLG22 del linaje PE-3 se observó que un aislamiento sensible a metalaxyl presentó menor cantidad de factores de virulencia que un aislamiento moderadamente resistente del mismo genotipo; algo similar sucede en el MLG204 de EC-1 que siendo principalmente resistente, posee un único aislamiento de respuesta moderada. Por último, los 37 MLGs del linaje PE-3 que son exclusivos de cada departamento, provienen de una sola especie cultivada (*S. tuberosum* o *S. chaucha*) en general, excepto MLG24 que muestra resistencia a metalaxyl junto a seis factores de virulencia y fue obtenido a partir de *S. tuberosum* y *S. chaucha*, esta última característica también es propia de MLG22 y MLG30 que son comunes en dos o más departamentos.

3.2. DISCUSIÓN

Al igual que en las primeras investigaciones realizadas en el Perú por Tooley et al. (1989), Pérez et al. (2001) y Garry et al. (2001 y 2005), el grupo de apareamiento A2 no fue encontrado en los aislamientos analizados para el presente estudio. De similar manera ocurre en Ecuador (Delgado et al., 2013), Colombia (Gilchrist et al, y Vargas et al., 2009), Venezuela (Briceño et al.,2009) y Chile (Acuña et al., 2011) que hasta la actualidad han registrado únicamente el grupo de apareamiento A1. Esta situación podría deberse a que en estos países, así como en el Perú, la importación de tubérculos – semilla de papa es nula (Herrera & Scott, 1993) debido a los múltiples sistemas existentes para su producción y abastecimiento nacional (Thiele, 1997) impidiendo el ingreso y establecimiento de otro tipo de apareamiento.

En contraste, existen reportes del grupo de apareamiento A2 en Uruguay (Deahl et al., 2003), y también en Brasil (Reis et al., 2003 y Santana et al., 2013) y Argentina (Lucca & Huarte, 2011) en los cuales A2 es predominante sobre el A1. Esta situación podría deberse a que en Uruguay y Brasil no se produce suficiente cantidad de semilla local certificada por lo que se realizan importaciones desde los Países Bajos, Canadá y Estados Unidos, donde se ha encontrado el tipo de apareamiento A2 (Li et al., 2012 y Hu et al., 2012); así como también importan desde Chile y Argentina (Ministerio de Agroindustria, 2017) que facilitarían el ingreso y coexistencia de ambos tipos de apareamiento.

En coincidencia con la aseveración de que *P. infestans* es un organismo diploide (Grunwald & Flier, 2005), 61 individuos de la población estudiada junto al aislamiento control PCZ007 (PE-3) mostraron dos alelos en todos sus loci. Paralelamente, al haber detectado un único grupo de apareamiento (A1) se asume que la población se reproduce clonalmente. Debido a que el sistema de reproducción clonal está asociado a la poliploidización, pueden presentarse mayores niveles de ploidía (Li et al., 2015); explicando así que la mayoría de individuos (640) junto a los aislamientos control PPU103 (US-1), POX067 (EC-1), PCA023 (PE-7) y POX119 (PE-8) mostrasen tres alelos en al menos un locus, concordando con los reportes de triploidía en otras poblaciones asexuales (Li et al. 2013; Tooley & Therrien, 1989).

Respecto a la diversidad genética, el contenido de información polimórfica (PIC) observado en la población Peruana de *P. infestans* estudiada, es mayor al reportado para las poblaciones de *P. infestans* en Ecuador (8 SSR, Delgado et al. (2013)) y

Colombia (11 SSR, Chaves et al. (2018)); lo cual se debería a que en ambos países sólo se ha reportado EC-1, mientras PE-3 ha sido encontrado únicamente en los Andes Peruanos. Sin embargo, coincide con ambas poblaciones en que el mayor PIC se presentó en los marcadores *Pi4B*, *SSR4*, y *D13*, mientras el menor PIC fue de *Pi70* y *Pi63*.

Asimismo, el número de genotipos multilocus (n=205) y el índice de Nei calculado ($H = 0.95$) indican que la población analizada presenta mayor diversidad genotípica que aquella ($H = 0.73$) reportada por Pérez et al. (2001). En dicho reporte se indica una diversidad nula ($H = 0$) para Huánuco y Junín, y ligeramente mayor para Cusco ($H = 0.27$), en cambio en el presente estudio la diversidad genotípica calculada en Huánuco ($H=0.81$), Junín ($H=0.84$) y Cusco ($H=0.92$) fue mayor.

Cabe resaltar que el mayor índice de diversidad en la población actual respecto a lo reportado por Pérez et al. (2001), no solo se debe al importante factor genético, sino también a los marcadores SSR empleados en el presente estudio a diferencia de la técnica empleada en ese entonces (AFLP y RFLP), además el área de muestreo actual tuvo mayor extensión.

La frecuencia y distribución de los genotipos multilocus EC-1 que fueron comunes entre dos o más departamentos (Figura 42) que distan ampliamente entre sí (MLG104, MLG114, MLG123) y aquellos de mayor frecuencia y distribución (MLG153, MLG180, MLG204), así como el orden de sus eventos de diversificación inferidos a partir del dendrograma (Figura 41); evidenciaron un flujo genotípico a lo largo de los Andes Peruanos, característico de patógenos vegetales que poseen un componente significativo de reproducción asexual en su historia de vida (McDonald y Linde, 2002).

Bajo esta premisa, se presume que el genotipo MLG104, en el cual se agrupó el aislamiento de referencia POX067, habría estado mayormente difundido con anterioridad desde su lugar de colecta quizá (Oxapampa, Pasco) hasta el sur como indican Pérez et al. (2001) y centro de los Andes donde se detectó en el presente estudio. Seguidamente, habría sido parcialmente desplazado por genotipos que se diversificaron después como MLG114, en el centro y norte; y MLG123, en el sur y norte. Posteriormente, habrían emergido genotipos más competitivos como MLG153 en el centro, MLG180 del centro al sur, y MLG204 del centro al norte que gradualmente fueron desplazando los genotipos anteriores. También cabe la posibilidad de que el MLG104 haya reemergido durante 2016 y 2017, ya que los individuos emergentes y

reemergentes que causan epidemias suelen generarse de forma clonal (Knaus et al., 2016).

Además, el que estos 6 genotipos sean triploides en los loci *SSR4* y *Pi4B*, al igual que los 30 genotipos de mayor distribución y frecuencia, y muchos otros que también presentan triploidía en al menos otro locus (*D13*, *Pi04*, *SSR6*, *SSR3_Pi02*, *SSR11*), sugiere una constante diversificación particular de cada lugar que es congruente con los 175 genotipos (138 del linaje clonal EC-1 y 37 de PE-3) hallados en un solo departamento del área muestreada; y es consistente con la divergencia clonal gradual que da lugar a los linajes clonales (Knaus et al., 2016).

A partir de estas observaciones, se infiere que en los Andes Peruanos el nivel de ploidía juega un rol importante en el éxito epidemiológico de la población de *P. infestans* como sugiere Li et al. (2015). Es por ello que algunos genotipos triploides del linaje clonal EC-1 (MLG104, MLG114, MLG123, MLG153, MLG180, MLG204) perduraron a través del tiempo y su flujo genotípico se dio a lo largo de diversos departamentos y hospederos; por el contrario, los genotipos diploides de PE-3 (p.e. PZC007) no fueron detectados al sur donde se reportó este linaje clonal con anterioridad (Pérez et al., 2001), y su distribución geográfica al igual que número de hospederos fue menor en comparación a EC-1 (Figura 43).

Si bien se puede asumir que dos individuos con el mismo genotipo multilocus suelen poseer las mismas características fenotípicas (Saville et al. 2015) como sucedió con MLG104, MLG114, MLG123, MLG153, MLG180, respecto a la resistencia a metalaxyl y virulencia; esta correlación no es absoluta debido a las diferentes fuerzas evolutivas que accionan sobre la población del patógeno (Saville et al. 2015), tal es el caso de los individuos de MLG22 (PE-3) y MLG204 (EC-1) que presentaron distintas respuestas a metalaxyl, diferente cantidad de factores de virulencia, así como hospederos y distribución geográfica. Este fenómeno podría deberse a que un mayor nivel de ploidía también permite albergar una gama más amplia de combinaciones de alelos de virulencia (Sansome, 1977) que a su vez posibilita la afección de mayor variedad de hospederos, lo cual explicaría porque los genotipos EC-1 (Figura 44) que se diversificaron con anterioridad (MLG114 y MLG123) presentaron menor cantidad de factores de virulencia (5, 4), y fueron encontrados en bajas frecuencias (0.57%) y afectando sólo una o dos especies de papa cultivada en tres departamentos; mientras los más recientes (MLG153, MLG180, MLG204) poseían mayor cantidad de factores

de virulencia (8, 10, 11), y fueron detectados en mayores frecuencias (9.7%, 1.14%, 18.12%) y hasta en las cuatro especies de papa cultivada a partir de las cuales se realizó el muestreo (*Solanum tuberosum*, *S. goniocalyx*, *S. chaucha*, *S. stenotomum*) en cuatro o hasta cinco departamentos. De forma similar estaría sucediendo en PE-3 donde la capacidad de afectar mayor número de hospederos pareciera estar relacionada con el incremento de factores de virulencia y menor susceptibilidad a metalaxyl (MLG22).

Estas características fenotípicas sugieren un proceso de adaptación en ambos linajes clonales, que al posibilitar la afección de mayor variedad de hospederos también facilita su flujo genotípico entre departamentos, y el incremento de su frecuencia y capacidad de desplazar genotipos menos competitivos.

La predominante resistencia a metalaxyl (90%) es una característica en común con las poblaciones de *P. infestans* analizadas anteriormente en los Andes Peruanos por Pérez et al. (2001) y Garry et al. (2005), y es una cualidad global de los genotipos dominantes a nivel mundial (Perez & Forbes, 2008) como EC-1 demostró serlo en esta investigación. En poblaciones de reproducción clonal como la estudiada, suele ser el resultado de mutaciones recurrentes del gen del citocromo b mitocondrial, migración del patógeno, y/o del proceso de selección impuesto por el fungicida (Gisi et al., 2002).

La resistencia a metalaxyl del linaje clonal EC-1 en el centro y sur de los Andes Peruanos y su susceptibilidad cuando estaba asociado a PE-3 en el norte, sugieren la existencia de una "frontera de diversidad" similar a la identificada por Pérez et al. (2001) entre las poblaciones de *P. infestans* de los Andes del centro (Pasco, Huánuco y Junín) donde EC-1 era resistente a metalaxyl, y del sur (Cusco y Puno) donde EC-1 mostraba ser susceptible estando asociado a los linajes US-1 y PE-3.

Por un lado, estos hechos evidencian un proceso de migración de EC-1 a partir de los Andes centrales, que ha sido exitoso hacia el sur (Pérez et al., 2001) donde se le halló como único linaje clonal; mientras viene transcurriendo hacia el norte (Garry et al., 2001 y 2005) donde se le encontró asociado a PE-3. Por otro lado, también sugieren la ocurrencia de un proceso de selección impuesto por la aplicación de fungicidas (Gisi et al., 2002) que si bien favorece a los individuos resistentes de EC-1 (94%) y PE-3 (44%); paralelamente conlleva a la disminución de la frecuencia de aquel con menor aptitud hasta que finalmente desaparezca (McDonald & Linde, 2002) tal como ha sucedido con PE-3 al sur de los Andes y como ocurriría al norte en el futuro.

Respecto a la virulencia, las razas fisiológicas simples (0,1 y 1,5) halladas por Tooley et al. (1989) en los Andes centrales del Perú no fueron encontradas en la población estudiada. Por otro lado, la raza más frecuente (1,3,4,7,10,11) y los factores de virulencia de mayor frecuencia y distribución (*avr1*, *avr3*, *avr4*, *avr7*, *avr10* y *avr11*), coincidieron con lo reportado por Pérez et al. (2001); su constante prevalencia en la población de *P. infestans* del Perú, revela que las variedades de papa afectadas en estudios pasados así como en el actual, en su mayoría presentan los mismos genes de resistencia en función a los cuales ocurre la selección del patógeno en los Andes Peruanos (Tooley et al., 1985).

A pesar de esta coincidencia, se observó un incremento en la diversidad patotípica pero también una disminución en la complejidad de la virulencia con respecto a lo reportado por Pérez et al. (2001), que estarían relacionadas con posibles adaptaciones del patógeno a nivel departamental como señala Andrivon et al. (2007) y que se detalla a continuación:

El índice de Nei ($H = 0.87$) para la población analizada indica un incremento de la diversidad de razas fisiológicas con respecto a lo reportado por Pérez et al. (2001) ($H = 0.80$). Además de deberse a que el presente muestreo abarcó mayor área, también se explica por la variación de la diversidad patotípica en los departamentos de Huánuco (0.91), Junín (0.81) y Cusco (0.73) con respecto a lo hallado en el 2001 por Pérez et al. (0.72, 0.79, 0.81 respectivamente). Así también, los índices de Shannon ($H_s = 2.79$) y Gleason ($H_G = 8.07$) revelan el aumento de la riqueza de razas fisiológicas en relación al nivel relativamente bajo ($H_{GR} < H_{SR}$) reportado por Pérez et al. (2001).

Empero, la complejidad de la virulencia (4 – 7) es menor a la reportada (4 – 9) por Pérez et al. (2001), pues se hallaron diferencias respecto a Cusco y Junín: *avr2* no se encontró en Junín y su frecuencia en Cusco (20%) ha disminuido a la mitad de lo antes reportado (>40%), *avr5* y *avr6* se presentaron en mayor frecuencia; *avr8*, ha disminuido en Junín (7%) y Cusco (31%) de lo antes indicado (~ 80%, ~ 100% respectivamente).

Estas variaciones a nivel departamental evidencian que la diversidad y complejidad patotípica están relacionadas con la capacidad de las poblaciones de *P. infestans* para adaptarse a cultivares localmente dominantes, independientemente de los niveles de resistencia de los cultivares (Andrivon et al., 2007).

De forma similar, los factores de virulencia detectados para cada linaje clonal fueron diferentes a lo reportado por Pérez et al. (2001): Primero, los factores de virulencia *avr2* y *avr8* se presentan en menor frecuencia (11% de lo indicado anteriormente (50% y 90% respectivamente) para EC-1 y no se detectaron en PE-3. Segundo, *avr5* y *avr6* que estaban limitados a EC-1 (5% y ~20%), se han incrementado en la población estudiada (27% y 30%, respectivamente) presentándose también en PE-3 (0.7%). Por último, *avr9* detectado con anterioridad únicamente para EC-1 (~ 1%) en Junín, ahora ha sido encontrado en Piura, Amazonas, La Libertad y Cusco constituyendo un bajo porcentaje (4.9%) pero igualmente aislado a este linaje. Estos hallazgos demuestran que a pesar del importante componente genético, la virulencia también es resultado de las fuerzas evolutivas que accionan sobre la población del patógeno (Saville et al. 2015); como podría ser el caso de la selección impuesta por rotación de variedades que conlleva al surgimiento, incremento, disminución y/o pérdida de determinados factores de virulencia en la población de *P. infestans* (Tooley et al., 1985).

La predominante resistencia a metalaxyl y el amplio espectro de virulencia característicos de EC-1 en el presente estudio, sugieren que es un linaje clonal más competitivo que PE-3, y además refuerzan la hipótesis de que es capaz de *desplazar* a otros linajes clonales. Tal fue el caso de US-1, dominante en Perú aproximadamente hasta 1990 (Goodwin et al., 1994; Tooley et al., 1989) y desplazado paulatinamente por EC-1 en los cultivos de papa (Pérez et al., 2001; Garry et al., 2001 y 2005) haciendo imposible su detección en esta investigación. Este fenómeno ha ocurrido en Norte América (Hu et al., 2012), Europa y Asia (Li et al., 2015), y América del Sur (Delgado et al., 2013; Vargas et al., 2009; Chaves et al., 2018) a medida que emergieron otros linajes clonales.

Una situación similar podría estar sucediendo con PE-3, pues este linaje estuvo presente en el centro y sur de los Andes Peruanos aproximadamente hasta 1998 (Pérez et al., 2001) pero actualmente ha sido detectado sólo en el norte coincidiendo con los reportes de muestras colectadas a partir de 1999 (Garry et al., 2001 y 2005); mientras EC-1 fue hallado en el centro, sur y norte de los Andes sugiriendo un eventual desplazamiento de PE-3.

Asimismo, el que PE-3 no haya sido reportado en el norte de los Andes previo a los estudios realizados por Garry et al. (2001 y 2005) podría deberse simplemente a que esta región no era parte del área de muestreo (Tooley et al., 1989; Pérez et al., 2001); sin embargo, también caben otras posibilidades. Por un lado, podría ser el resultado de un

evento fundador producido desde el centro o sur hacia el norte de los Andes Peruanos a través del intercambio de semillas o dispersión de propágulos después de 1998, esta hipótesis también explicaría el que no se detectase el alelo 134 del marcador *D13* (característico del aislamiento de referencia PCZ007) en la población actual de PE-3; pues debido a que la población fundadora suele ser pequeña en función a la población fuente de origen, se produce la pérdida de fracciones de variación genética (Goodwin, 1997). Por otro lado, ya que PE-3 posee un gran parentesco con HERB-1, el linaje de *P. infestans* más antiguo, causante de la Hambruna Irlandesa (Yoshida et al., 2013) y proveniente del centro de origen constituido por los Andes Peruanos y Ecuatorianos (Martin et al., 2015); PE-3 podría haber estado difundido desde antes incluso en bajas frecuencias (Agrios, 2005) a lo largo de los Andes Peruanos, luego ser desplazado del centro y sur más no del norte ya que el cultivo intensivo de papa está concentrado en las dos primeras regiones, por lo cual una selección por aplicación de fungicidas y/o rotación de especies es menor en el norte, y permitió a PE-3 subsistir aun con características fenotípicas de menor aptitud que EC-1.

Al mismo tiempo, el linaje clonal EC-1 estaría utilizando la poliploidización como un sistema de evolución que incrementa su aptitud frente a otros linajes clonales, pues la triploidía observada en EC-1 a nivel de marcadores SSR sugiere cambios en el genoma a los que podrían atribuírsele el incremento de su virulencia y resistencia a metalaxyl (Sansome, 1977), cualidades que serían clave para su actual dominancia sobre PE-3 ya que no sólo han facilitado su adaptación y migración en los cultivos de papa, sino también le ha permitido desplazar a PE-3 en el centro y sur de los Andes Peruanos. Este desplazamiento habría sido coadyuvado por las características menos agresivas de PE-3 así como por diversas actividades como el comercio interno de semillas, la selección dirigida por la aplicación de fungicidas y la rotación de especies de papa cultivada.

Finalmente, se concluye que EC-1 juega un papel crucial en el éxito epidemiológico de la población de *Phytophthora infestans* en los Andes Peruanos mientras PE-3 representa la posibilidad de develar las incógnitas respecto a la evolución del patógeno en cuanto a su ploidía y las ventajas patogénicas resultantes de este fenómeno; principalmente porque PE-3 fue reportado únicamente en los Andes Peruanos (Pérez et al., 2001; Garry et al., 2001; Garry et al., 2005) que constituyen el centro de origen de *P. infestans* junto a los Andes Ecuatorianos (Martin et al., 2015), además su predominante diploidía así como haplotipo mitocondrial (*Ia*); sugieren un cercano parentesco con HERB-1, el linaje causante de la Hambruna Irlandesa (Yoshida et al., 2013), el cual también es

diploide y cuyo haplotipo mitocondrial único está relacionado ancestralmente en mayor porcentaje al mtADN *la* (Martin et al., 2014).

Adicionalmente, la diploidía de PE-3 también sugiere que podría haberse generado por reproducción sexual (Li et al., 2015). Si bien el tipo de apareamiento complementario (A2) no se ha detectado en la población estudiada de *Phytophthora infestans*, es propio del aislamiento control de *P. andina* (POX119, PE-8) utilizado para los cruzamientos interespecíficos que dieron lugar a oosporas. Además, PE-3 comparte ascendencia (Figura 41) así como algunas características genotípicas (Pérez et al., 2001; tabla 19) con POX119. En este contexto, PE-3 podría ser un híbrido producto de la reproducción sexual entre ambas especies, ya que la progenie de poblaciones que se reproducen sexualmente suelen ser diploides (Li et al., 2015).

Por último, el que los individuos triploides estuviesen ampliamente distribuidos a lo largo del área muestreada, a diferencia de los individuos diploides que se concentraron principalmente en el norte de los Andes Peruanos, también sería consecuencia de la poliploidización; pues un mayor nivel de ploidía está relacionado con una mejor adaptación a bajas temperaturas (Sansome, 1977) que a su vez posibilitan el desarrollo del tizón tardío en un rango altitudinal más amplio. Es así que los primeros estudios realizados por Tooley et al. (1989) reportaron brotes de *P. infestans* entre 2000 y 3500 metros de altitud en los Andes Centrales. Posteriormente, Pérez et al. (2001) señalan la presencia del tizón tardío entre 2280 y 3810 metros de altitud en los Andes del Centro y Sur, mientras Egúsqiza y Apaza (2001) indicaron su relativa inexistencia entre 3600 y 4000 msnm. Sin embargo, la población de *P. infestans* caracterizada en el presente estudio mostró un rango altitudinal de mayor amplitud (1844 – 4125 msnm), lo cual sugiere una continua adaptación altitudinal del patógeno como sugiere Sansome (1977). Así también, *P. infestans* es capaz de desarrollar tolerancia a los rayos UV a través de cambios temporales en la expresión de genes que, si bien no son modificaciones permanentes en su estructura genética, posibilitan una selección conducida por la variación altitudinal de radiación UV (Wu et al., 2018) coadyuvado por el cambio climático que favorece su desarrollo sobre los 3800 hasta los 4200 metros de altitud (Pérez et al., 2017).

CONCLUSIONES

1. La población de *Phytophthora infestans* (Mont.) de Bary que afectó los cultivos de papa (*Solanum tuberosum* L.) en el Perú durante los años 2016 y 2017, fue del tipo de apareamiento A1, preponderantemente resistente a metalaxyl y de razas fisiológicas complejas siendo la más frecuente R(1,3,4,7,10,11).
2. Esta población presentó los haplotipos mitocondriales *Ila* y *Ia*, siendo *Ila* predominante; y los 701 individuos estudiados se agruparon en 205 genotipos multilocus, siendo el MLG204 el de mayor frecuencia y distribución a lo largo de los Andes Peruanos.
3. La estructura genética de la población de *P. infestans* fue determinada por los linajes clonales EC-1 (mtADN *Ila*), distribuido a lo largo de los Andes Peruanos, y PE-3 (mtADN *Ia*), concentrado en Ancash, La Libertad, Cajamarca y Amazonas; revelando la dominancia de EC-1 sobre PE-3. Asimismo, la alta diversidad genética de esta población fue mayor para EC-1 (166 MLGs) que para PE-3 (39 MLGs); pues los ejemplares EC-1 fueron predominantemente triploides, resistentes a metalaxyl (94%), con mayor número de razas fisiológicas así como factores de virulencia, y encontrados en las cuatro especies de papa cultivada muestreadas; en contraste, los individuos del linaje PE-3 fueron mayormente diploides, sensibles a metalaxyl (44%), con menos razas fisiológicas al igual que factores de virulencia, y provinieron exclusivamente de *S. tuberosum* y *S. chaucha*.

RECOMENDACIONES

Realizar muestreos en departamentos colindantes a Bolivia y Brasil donde se ha reportado el tipo de apareamiento A2, e investigar sobre la posible ocurrencia de la reproducción sexual en condiciones ambientales.

Comprobar si las oosporas generadas en cruzamientos *in vitro* entre *P. infestans* y *P. andina* son viables y si este cruzamiento se puede dar también en las condiciones ambientales de los campos de cultivo.

Incluir los marcadores *Pi4B*, *SSR4*, y *D13* en futuras caracterizaciones genotípicas para asegurar la obtención de la mayor información posible, y también *Pi70* y *Pi63* para garantizar la comparabilidad dentro y entre poblaciones del Perú y países colindantes como Ecuador y Colombia que también reportan el linaje clonal EC-1.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS:

- Acuña, I., Sagredo, B., Gutiérrez, M., Sandoval, C., Fahrenkrog, A., Secor, G., Rivera, V., & Mancilla, S. (2011). *Characterization of Phytophthora infestans population in Chile*. Thirteenth EuroBlight workshop, St. Petersburg, Russia.
- Agrios, G. N. (2005). *Plant pathology* (5th ed). Elsevier Academic Press.
- Alagón, G., Fernández Baca Polo, I., & Giusti Hundskopf, C. (2015) *Agenda Regional de investigación Cusco al 2021*. Gobierno Regional Cusco y Universidad Nacional de San Antonio Abad del Cusco.
- Alarcón, N. M. (2011). *Caracterización de la diversidad genética de Phytophthora infestans (Mont.) de Bary en Chapingo, México*. Universidad Autónoma de Chapingo.
- Alarcón-Rodríguez, N. M., Valadez-Moctezuma, E., & Lozoya-Saldaña, H. (2014). *Molecular Analysis of Phytophthora infestans (Mont.) de Bary from Chapingo, Mexico. Phylogeographic Referential*.
- Alor, N. A. (2015). *Caracterización de Phytophthora infestans y mejora genética para la resistencia en patata* [Tesis Doctoral]. Universitat de Lleida. Departament de Producció Vegetal i Ciència Forestal. <http://www.tdx.cat/handle/10803/286188>
- Anderson, J. A., Churchill, G. A., Autrique, J. E., Tanksley, S. D., & Sorrells, M. E. (1993). Optimizing parental selection for genetic linkage maps. *Genome*, 36(1), 181–186.
- Andrivon, D., Pilet, F., Montarry, J., & Hafidi, M. (2007). Adaptation of *Phytophthora infestans* to partial resistance in potato: Evidence from French and Moroccan populations. *Phytopathology* 97(3): 338-43. DOI: 10.1094/PHYTO-97-3-0338
- Andrivon, D. (1994). Races of *Phytophthora infestans* in France, 1991–1993. *Potato Research*, 37(3), 279–286. <https://doi.org/10.1007/BF02360520>
- Ballvora, A., Ercolano, M. R., Weiss, J., Meksem, K., Bormann, C. A., Oberhagemann, P., Salamini, F., & Gebhardt, C. (2002). The R1 gene for potato resistance to late blight (*Phytophthora infestans*) belongs to the leucine zipper/NBS/LRR class of plant resistance genes. *The Plant Journal: For Cell and Molecular Biology*, 30(3), 361–371.
- Bartnicki-Garcia, S., & Wang, M. C. (1983). Biochemical aspects of morphogenesis in *Phytophthora*. En *Phytophthora Its Biology, Taxonomy, Ecology, and Pathology* (Erwin, D. C., Bartnicki-Garcia, S., Tsao, P. H., pp. 121–137).
- Baylon, Y. (1987). *Estudio económico del control de la ranca (Phytophthora infestans) (Mont De Bary) en papa en lugares de diferentes niveles de incidencia*. [Tesis de Ingeniero Agrónomo]. Universidad Nacional del centro del Perú. Huancayo, Perú.
- Black, W., Mastenbroek, C., Mills, W. R., & Peterson, L. C. (1953). A proposal for an international nomenclature of races of *Phytophthora infestans* and of genes controlling immunity in *Solanum demissum* derivatives. *Euphytica*, 2(3), 173–179. <https://doi.org/10.1007/BF00053724>

- Blair, J. E., Coffey, M. D., Park, S.-Y., Geiser, D. M., & Kang, S. (2008). A multi-locus phylogeny for *Phytophthora* utilizing markers derived from complete genome sequences. *Fungal Genetics and Biology*, 45(3), 266–277. <https://doi.org/10.1016/j.fgb.2007.10.010>
- Briceño, A., San Román, M., Moreno, M., Fermin, G., Cedeño, L., Quintero, K., & Pino, H. (2009). Population structure of *Phytophthora infestans* in the Venezuelan Andes (2004-2007). *Acta Horticulturae*, 834, 129–140. <https://doi.org/10.17660/ActaHortic.2009.834.13>
- Bukasov, S.M. (1971). *Cultivated potato species*. (Flora of cultivated plants., Vol. 9).
- Carter, D. A., Archer, S. A., Buck, K. W., Shaw, D. S., & Shattock, R. C. (1990). Restriction fragment length polymorphisms of mitochondrial DNA of *Phytophthora infestans*. *Mycological Research*, 94(8), 1123–1128. [https://doi.org/10.1016/S0953-7562\(09\)81344-0](https://doi.org/10.1016/S0953-7562(09)81344-0)
- Cavalier-Smith, T. (2004). Only six kingdoms of life. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*, 271(1545), 1251–1262. <https://doi.org/10.1098/rspb.2004.2705>
- Cavalier-Smith, T. (2010). Kingdoms Protozoa and Chromista and the eozoan root of the eukaryotic tree. *Biology Letters*, 6(3), 342–345. <https://doi.org/10.1098/rsbl.2009.0948>
- Cavalier-Smith, T., & Chao, E. (2006). Phylogeny and Megasytematics of Phagotrophic Heterokonts (Kingdom Chromista). *Journal of Molecular Evolution*, 62(4), 388–420. <https://doi.org/10.1007/s00239-004-0353-8>
- CGIAR – RTB. (2016). *Research Program on Roots, Tuber and Bananas. Potato*. <http://www.rtb.cgiar.org/potato/#sthash.CBJYzQ13.dpuf>
- Champouret, N. (2010). *Functional genomics of Phytophthora infestans effectors and Solanum resistance genes*.
- Chávez, R. (2008). Sobre el origen, evolución de diversidad genética de la papa cultivada y la silvestres. *Ciencia & Desarrollo*, 12, 111–120.
- Chaves, S.C., Rodríguez, M.C., Mideros, M.F, Lucca, F., Nústes, C.E. and Restrepo, S. (2018). Determining whether Geographic Origin and Potato Genotypes Shape the Population Structure of *Phytophthora infestans* in the Central Region of Colombia. *Phytopathology*, 109(1):145-154. doi: 10.1094/PHYTO-05-180157-R.
- CIP. (2016). *Investigación Agrícola para el Desarrollo: Datos y cifras de la Patata*. <http://cipotato.org/potato/facts>
- CIP. (2015). *Laboratory Manual for p. Infestans work at CIP*.
- Coca, M. (1998). *Variabilidad genética de poblaciones de Phytophthora infestans de cultivos de papa (Solanum tuberosum L.) de cusco, Perú*. [Tesis de Maestría]. Universidad Nacional Agraria La Molina.

- Cooke, D. E. L., & Lees, A. K. (2004). Markers, old and new, for examining *Phytophthora infestans* diversity. *Plant Pathology*, 53(6), 692–704. <https://doi.org/10.1111/j.1365-3059.2004.01104.x>
- Cooke, D. E. L., Lees, A. K., Anderson, B., & Bakonyi, J. (2006). The use of microsatellite markers to examine European *P. infestans* populations using the EUCABLIGHT database. *Eucablight*.
- Danies, G. (2015). *Population genetics of Phytophthora infestans in the United States*. [Tesis Doctoral]. Cornell University.
- Deahl, K.L., Pagani, M.C., Vilaro, F.L., Perez, F.M., Moravec, B., & Cooke, L.R. (2003). Characteristics of *Phytophthora infestans* Isolates from Uruguay. *European Journal of Plant Pathology*, 109(3), 277–281.
- Delgado, R. A., Monteros-Altamirano, A. R., Li, Y., Visser, R. G. F., van der Lee, T. A. J., & Vosman, B. (2013). Large subclonal variation in *Phytophthora infestans* populations associated with Ecuadorian potato landraces. *Plant Pathology*, 62(5), 1081–1088. <https://doi.org/10.1111/ppa.12039>
- Dodds, K.S. (1962). Classification of cultivated potatoes. *The potato and its wild relatives* (Correll, D.S., pp. 517–539).
- Egúsqüiza, B. R. (2008). *La Papa en el Perú: Presente y Futuro*. http://www.psi.gob.pe/docs/%5Cbiblioteca%5Cexposiciones%5CPapa_En_EL_Peru.pdf
- Egúsqüiza, R., & Apaza, W. (2001). La ranca de la papa (*Phytophthora infestans*) en el Perú. Perfil de País. *Complementando la resistencia al Tizón (Phytophthora infestans) en los Andes*.
- Erwin, D. C., & Ribeiro, O. K. (1996). *Phytophthora diseases worldwide*. APS Press.
- Euroblight, a potato late blight network for Europe. (2013). *Protocol for sampling Phytophthora infestans DNA using FTA cards 2018*. http://agro.au.dk/fileadmin/EuroBlight_sampling_2018.pdf
- Forbes, G. A., Gamboa, S., Lindqvist-Kreuzer, H., Oliva, R. F., & Perez, W. (2016). Identification of an A2 population of *Phytophthora andina* attacking tree tomato in Peru indicates a risk of sexual reproduction in this pathosystem. *Plant Pathology*, 65(7), 1109–1117. <https://doi.org/10.1111/ppa.12531>
- Forbes, G. A., Goodwin, S. B., Drenth, A., Oyarzun, P., Ordoñez, M. E., & Fry, W. E. (1998). A Global Marker Database for *Phytophthora infestans*. *Plant Disease*, 82(7), 811–818. <https://doi.org/10.1094/PDIS.1998.82.7.811>
- Forster, H., Coffey, M. D., Elwood, H., & Sogin, M. L. (1990). Sequence analysis of the small subunit ribosomal RNAs of three zoosporic fungi and implications for fungal evolution. *Mycologia*, 82(3), 306. <https://doi.org/10.2307/3759901>
- Foster, S. J., Park, T.-H., Pel, M., Brigneti, G., Śliwka, J., Jagger, L., van der Vossen, E., & Jones, J. D. G. (2009). *Rpi-vnt1.1*, a *Tm-2²* Homolog from *Solanum venturii*, Confers Resistance to Potato Late Blight. *Molecular Plant-Microbe Interactions*, 22(5), 589–600. <https://doi.org/10.1094/MPMI-22-5-0589>

- Gabriel, J. (2014). *Situación del Tizón Tardío en Bolivia* [Red Tizón Latino - Wordpress]. <https://redtizonlatino.wordpress.com/2014/11/05/situacin-del-tizn-tardo-en-bolivia/>
- Garry, G., Forbes, G. A., Salas, A., Pérez, W., Santa Cruz, M., Pinedo, H. M., Gonzales, E., Rivera, M., & Nelson, R. J. (2001). Characterization of *Phytophthora infestans* colonizing different Solanaceous Species in Peru, with implications on the control of potato late blight. En Ferguson, P., Parrot, S., Sheridan, K., Smith, B., & Stares, J. (Eds.), *Scientist and Farmer: Partners in Research for the 21st Century. Program Report* (1990^a–2000^a ed., pp. 39–47).
- Garry, G., Forbes, G. A., Salas, A., Santa Cruz, M., Perez, W. G., & Nelson, R. J. (2005). Genetic diversity and host differentiation among isolates of *Phytophthora infestans* from cultivated potato and wild solanaceous hosts in Peru. *Plant Pathology*, 54(6), 740–748. <https://doi.org/10.1111/j.1365-3059.2005.01250.x>
- Gilchrist, E., Jaramillo, S., Afanador, L., & Arango, R. E. (2009). Characterization if *Phytophthora infestans* population in Antioquia, Colombia. *Rev.Fac.Nal.Agr.Medellín*, 62(2), 5031–5037.
- Gisi, U., Sierotzki, H., Cook, A., & McCaffery, A. (2002). Mechanisms influencing the evolution of resistance to Qo inhibitor fungicides. *Pest Management Science*, 58(9), 859–867. <https://doi.org/10.1002/ps.565>
- Goodwin, S. B. (1997). The Population Genetics of *Phytophthora*. *Phytopathology*, 87(4), 462–473. <https://doi.org/10.1094/PHYTO.1997.87.4.462>
- Goodwin, S.B., Cohen, B.A., & Fry, W.E., W. E. (1994). *Panglobal distribution of a single clonal lineage of the Irish potato famine fungus*.
- Griffith, G. W., & Shaw, D. S. (1998). Polymorphisms in *Phytophthora infestans*: Four mitochondrial haplotypes are detected after PCR amplification of DNA from pure cultures or from host lesions. *Applied and Environmental Microbiology*, 64(10), 4007–4014.
- Grunwald, N. J. & Flier, W. G. (2005). The biology of *Phytophthora infestans* at its center of origin. *Annual Review of Phytopathology*, 43, 171-190.
- Guo, J., van der Lee, T., Qu, D. Y., Yao, Y. Q., Gong, X. F., Liang, D. L., Xie, K. Y., Wang, X. W., & Govers, F. (2009). *Phytophthora infestans* isolates from Northern China show high virulence diversity but low genotypic diversity. *Plant Biology*, 11(1), 57–67. <https://doi.org/10.1111/j.1438-8677.2008.00159.x>
- Haas, B. J., Kamoun, S., Zody, M., Jiang, R. H. Y., Handsaker, R. E., Cano, L. M., Grabherr, M., Kodira, C. D., Raffaele, S., Torto-Alalibo, T., Bozkurt, T. O., Ah-Fong, A. M. V., Alvarado, L., Anderson, V. L., Armstrong, M. R., Avrova, A., Baxter, L., Beynon, J., Boevink, P. C., Nusbaum, C. (2009). Genome sequence and analysis of the Irish potato famine pathogen *Phytophthora infestans*. *Nature*, 461(7262), 393–398. <https://doi.org/10.1038/nature08358>
- Hawkes, J. G. (1978). History of the potato. En P. M. Harris (Ed.), *The Potato Crop* (pp. 1–14). Springer US. https://doi.org/10.1007/978-1-4899-7210-1_1

- Hawkes, J. G. (1990). *The potato: Evolution, biodiversity and genetic resources* (First publ). Smithsonian Institution Press.
- Hermesen, J. G., & Ramanna, M. S. (1973). Double-bridge hybrids of *Solanum bulbocastanum* and cultivars of *Solanum tuberosum*. *Euphytica*, 22(3), 457–466. <https://doi.org/10.1007/BF00036641>
- Herrera, J. E., & Scott, G. J. (1993). Factores limitantes a la producción y uso de la papa: Resultados de la encuesta a los programas nacionales de América Latina. *Revista Latinoamericana de la Papa*, 5/6: 122-134.
- Hu, C.-H., Perez, F. G., Donahoo, R., McLeod, A., Myers, K., Ivors, K., Secor, G., Roberts, P. D., Deahl, K. L., Fry, W. E., & Ristaino, J. B. (2012). Recent Genotypes of *Phytophthora infestans* in the Eastern United States reveal clonal populations and reappearance of Mefenoxam Sensitivity. *Plant Disease*, 96(9), 1323–1330. <https://doi.org/10.1094/PDIS-03-11-0156-RE>
- Huaman, Z., & Spooner, D. M. (2002). Reclassification of landrace populations of cultivated potatoes (*Solanum* sect. *Petota*). *American Journal of Botany*, 89(6), 947–965. <https://doi.org/10.3732/ajb.89.6.947>
- Huamán, Z. (1986). *Botánica sistemática y morfología de la papa*. (Lima), Bol. 06. CIP. 23 pp.
- Huang, S., Van Der Vossen, E. A. G., Kuang, H., Vleeshouwers, V. G. A. A., Zhang, N., Borm, T. J. A., Van Eck, H. J., Baker, B., Jacobsen, E., & Visser, R. G. F. (2005). Comparative genomics enabled the isolation of the R3a late blight resistance gene in potato: Cloning the potato late blight R3a gene by synteny. *The Plant Journal*, 42(2), 251–261. <https://doi.org/10.1111/j.1365-313X.2005.02365.x>
- Huang, S., Vleeshouwers, V. G. A. A., Werij, J. S., Hutten, R. C. B., van Eck, H. J., Visser, R. G. F., & Jacobsen, E. (2004). The R3 Resistance to *Phytophthora infestans* in potato is conferred by two closely linked R Genes with distinct specificities. *Molecular Plant-Microbe Interactions*, 17(4), 428–435. <https://doi.org/10.1094/MPMI.2004.17.4.428>
- Hulloa, M. (2015). *El Reino de los Hongos*. <http://unibio.unam.mx/irekani/handle/123456789/32014?proyecto=Irekani>
- Ibtihal Muiz. (s. f.). *Oomycota, Mycology*. Recuperado 23 de marzo de 2017, de http://www.uobabylon.edu.iq/eprints/pubdoc_1_3112_561.doc
- INEI. (2017). Perú es imbatible en la producción de papa en Latinoamérica. *Informe Técnico Perú: Panorama Económico Departamental elaborado con información proporcionada por el Ministerio de Agricultura y Riego, Ministerio de Energía y Minas*. <http://www.minagri.gob.pe/portal/publicaciones-y-prensa/noticias-2017/19273-peru-es-imbatible-en-la-produccion-de-papa-en-latinoamerica>
- Judelson, H. S. (1996). Genetic and Physical Variability at the Mating Type Locus of the Oomycete, *Phytophthora infestans*. *Genetics*, 144(3), 1005.

- Kamoun, S., Huitema, E., & Vleeshouwers, V. G. A. A. (1999). Resistance to oomycetes: A general role for the hypersensitive response? *Trends in Plant Science*, 4(5), 196–200. [https://doi.org/10.1016/S1360-1385\(99\)01404-1](https://doi.org/10.1016/S1360-1385(99)01404-1)
- Kim, K. J., & Lee, Y. S. (2002). *Genetic DNA Marker for A2 mating type in Phytophthora infestans* (Vol. 40).
- Knapova, G., & Gisi, U. (2002). Phenotypic and genotypic structure of *Phytophthora infestans* populations on potato and tomato in France and Switzerland. *Plant Pathology*, 51(5), 641–653. <https://doi.org/10.1046/j.1365-3059.2002.00750.x>
- Knapova, G., Tenzer, I., Gessler, C., & Gisi, U. (2001). *Characterisation of Phytophthora infestans from potato and tomato with molecular markers*. Biodiversity in Plant Pathology. Proceedings of the 5th Congress of the European Foundation for Plant Pathology., Taormina, Italy.
- Knaus, B.J., Tabima, J.F., Davis, C.E., Judelson, H.S., & Grünwald, N.J. (2016). Genomic Analyses of Dominant U.S. Clonal Lineages of *Phytophthora infestans* Reveals a Shared Common Ancestry for Clonal Lineages US11 and US18 and a Lack of Recently Shared Ancestry Among All Other U.S. Lineages. *Population Biology*, <https://doi.org/10.1094/PHYTO-10-15-0279-R>.
- Lassiter, E.S., Russ, C., Nusbaum, C., Zeng, Q., Saville, A.C., Olarte, R.A., Carbone, I., Hu, C.H., Seguin-Orlando, A., Samaniego, J.A., Thorne, J.L., Ristaino, J.B. (2015). Mitochondrial genome sequences reveal evolutionary relationships of the *Phytophthora* 1c clade species. *Current Genetics*, 61(4):567-77.
- Lechnovich, V.S. (1971). *Cultivated potato species*. En Bukasov, S.M. (ed.). Flora of cultivated plants, Vol. 9.
- Lees, A. K., Wattier, R., Shaw, D. S., Sullivan, L., Williams, N. A., & Cooke, D. E. L. (2006). Novel microsatellite markers for the analysis of *Phytophthora infestans* populations. *Plant Pathology*, 55(3), 311–319. <https://doi.org/10.1111/j.1365-3059.2006.01359.x>
- Li, Y, Govers, F., Mendes, O., Testa, A., Jacobsen, E., Huang, S., & Lee, T. A. J. (2010). *A new set of highly informative SSR markers for Phytophthora infestans population analysis assembled into an efficient multiplex*.
- Li, Y., van der Lee, T. A. J., Evenhuis, A., van den Bosch, G. B. M., van Bekkum, P. J., Forch, M. G., van Gent-Pelzer, M. P. E., van Raaij, H. M. G., Jacobsen, E., Huang, S. W., Govers, F., Vleeshouwers, V. G. A. A., & Kessel, G. J. T. (2012). Population Dynamics of *Phytophthora infestans* in the Netherlands Reveals Expansion and Spread of Dominant Clonal Lineages and Virulence in Sexual Offspring. *Genes/Genomes/Genetics*, 2(12), 1529–1540. <https://doi.org/10.1534/g3.112.004150>
- Li, Y., van der Lee, T., Zhu, J. H., Jin, G. H., Lan, C. Z., Zhu, S. X., Zhang, R. F., Liu, B. W., Zhao, Z. J., Kessel, G., Huang, S. W., & Jacobsen, E. (2013). Population structure of *Phytophthora infestans* in China—Geographic clusters and presence of the EU genotype Blue_13. *Plant Pathology*, 62(4), 932–942. <https://doi.org/10.1111/j.1365-3059.2012.02687.x>

- Li, Y., Cooke, D. E. L., Jacobsen, E., & van der Lee, T. (2013). Efficient multiplex simple sequence repeat genotyping of the oomycete plant pathogen *Phytophthora infestans*. *Journal of Microbiological Methods*, 92(3), 316–322. <https://doi.org/10.1016/j.mimet.2012.11.021>
- Li, Y., Zhou, Q., Qian, K., van der Lee, T., Huang, S. (2015) Successful asexual lineages of the Irish potato Famine pathogen are triploid. bioRxiv 024596; doi: <https://doi.org/10.1101/024596>
- Linnaeus, C. (1753). *Species plantarum* (Holmiae).
- Lokossou, A. A., Park, T., van Arkel, G., Arens, M., Ruyter-Spira, C., Morales, J., Whisson, S. C., Birch, P. R. J., Visser, R. G. F., Jacobsen, E., & van der Vossen, E. A. G. (2009). Exploiting Knowledge of *R/Avr* Genes to Rapidly Clone a New LZ-NBS-LRR Family of Late Blight Resistance Genes from Potato Linkage Group IV. *Molecular Plant-Microbe Interactions*, 22(6), 630–641. <https://doi.org/10.1094/MPMI-22-6-0630>
- Lokossou, A. A. (2010). *Dissection of the major late blight resistance cluster on potato linkage group IV*.
- Lucca, F., & Huarte, M. (2011). *Genotypic variation of Phytophthora infestans population in Argentina*. Thirteenth EuroBlight workshop, St. Petersburg, Russia.
- Martin, M.D., Ho, S.Y., Wales, N., Ristaino, J. B., & Gilbert, T. P. (2014). Persistence of the Mitochondrial Lineage responsible for the Irish Potato Famine in extant New World *Phytophthora infestans*. *Molecular Biology and Evolution*. 2014;31(6):14141420. <https://doi.org/10.1093/molbev/msu086>
- Martin, M.D., Vieira, F.G., Ho, S.Y., Wales, N., Schubert, M., Seguin-Orlando, A., Ristaino, J. B., & Gilbert, T. P. (2015). Genomic Characterization of a South American *Phytophthora* Hybrid Mandates Reassessment of the Geographic Origins of *Phytophthora infestans*. *Molecular Biology and Evolution*. 2016;33(2):47891. Epub 2015/11/19. 10.1093/molbev/msv241
- Martin, F.N., Zhang, Y, Grunwald, N, & Coffey, Michael. (2012). Expanded analysis of *P. infestans* mitochondrial haplotypes and correlation with nuclear genotype. *Phytopathology*.
- Mastenbroek, C. (1952). Investigations into the inheritance of the immunity from *Phytophthora infestans* in *Solanum demissum* Lindl. *Euphytica*, 1(3), 187–198. <https://doi.org/10.1007/BF01910659>
- May, K.J., Ristaino, J.B. (2004). Identity of the mtDNA haplotype(s) of *Phytophthora infestans* in historical specimens from the Irish potato famine. *Mycology*, 108, 471-479.
- McDonald, B. A. (2004). Population Genetics of Plant Pathogens. *The Plant Health Instructor*. <https://doi.org/10.1094/PHI-A-2004-0524-01>

- McDonald, B. A., & Linde, C. (2002). Pathogen Population Genetics, Evolutionary Potential, and Durable Resistance. *Annual Review of Phytopathology*, 40(1), 349–379. <https://doi.org/10.1146/annurev.phyto.40.120501.101443>
- Meksem, K., Leister, D., Peleman, J., Zabeau, M., Salamini, F., & Gebhardt, C. (1995). A high-resolution map of the vicinity of the R1 locus on chromosome V of potato based on RFLP and AFLP markers. *Molecular & General Genetics: MGG*, 249(1), 74–81.
- Ministerio de Agroindustria. (2017). *Mercado Externo de la Papa*.
- Njoroge, A. W., Tusiime, G., Forbes, G. A., & Yuen, J. E. (2015). Displacement of US-1 clonal lineage by a new lineage of *Phytophthora infestans* on potato in Kenya and Uganda. *Plant Pathology*, 65(4), 587–592. <https://doi.org/10.1111/ppa.12451>
- Ochmann J. (2004). Some notes on problems of taxonomy y nomenclature of cultivated plants. *Schrifted Genetic*, 43–50.
- Ochoa, C. M. (1999). *Las papas de Sudamérica. Perú*. Centro Internacional de la Papa.
- Ortiz, O., Winters, P., Fano, H. (1999). *La percepción de los agricultores sobre el problema del Tizon tardío o rancho*.
- Ortiz, O., P. Winters, H. Fano, G. Thiele, S. Guamán, R. Torrez, V. Barrera, J. And, J. and J. Hakiza. (1999). *Understanding Farmers' response to Late Blight Evidence from Peru, Bolivia, Ecuador, and Uganda. Impact on a changing world, Program report 1997-98. International Potato Center. Pp. 101 – 109*.
- Paquin, B., Laforest, M. J., Forget, L., Roewer, I., Wang, Z., Longcore, J., & Lang, B. F. (1997). The fungal mitochondrial genome project: Evolution of fungal mitochondrial genomes and their gene expression. *Current Genetics*, 31(5), 380–395.
- Park, T. H., Vleeshouwers, V. G. A. A., Huigen, D. J., van der Vossen, E. A. G., van Eck, H. J., & Visser, R. G. F. (2005). Characterization and high-resolution mapping of a late blight resistance locus similar to R2 in potato. *Theoretical and Applied Genetics*, 111(3), 591–597. <https://doi.org/10.1007/s00122-005-2050-4>
- Park, T. H., Gros, J., Sikkema, A., Vleeshouwers, V. G. A. A., Muskens, M., Allefs, S., Jacobsen, E., Visser, R. G. F., & van der Vossen, E. A. G. (2005). The Late Blight Resistance Locus *Rpi-blb3* from *Solanum bulbocastanum* belongs to a Major Late Blight R Gene Cluster on Chromosome 4 of Potato. *Molecular Plant-Microbe Interactions*, 18(7), 722–729. <https://doi.org/10.1094/MPMI-18-0722>
- Park, T.H., Vleeshouwers, V. G. A. A., Hutten, R. C. B., van Eck, H. J., van der Vossen, E., Jacobsen, E., & Visser, R. G. F. (2005). High-resolution Mapping and Analysis of the Resistance Locus Rpi-abpt Against *Phytophthora infestans* in Potato. *Molecular Breeding*, 16(1), 33–43. <https://doi.org/10.1007/s11032-005-1925-z>

- Pel, M. A., Foster, S. J., Park, T.H., Rietman, H., van Arkel, G., Jones, J. D. G., Van Eck, H. J., Jacobsen, E., Visser, R. G. F., & Van der Vossen, E. A. G. (2009). Mapping and cloning of Late Blight Resistance Genes from *Solanum venturii* using an Interspecific Candidate Gene Approach. *Molecular Plant-Microbe Interactions*, 22(5), 601–615. <https://doi.org/10.1094/MPMI-22-5-0601>
- Pérez, W. (2017). *Como prevenir, controlar y eliminar el tizón tardío de la papa* [Food Innovation Online Corp [CA]]. <https://www.potatopro.com/news/2017/como-prevenir-controlar-y-eliminar-el-tiz%C3%B3n-tard%C3%ADo-de-la-papa>
- Perez, W., & Forbes, G. (2008). *Manual Técnico: El Tizón Tardío de la Papa*.
- Pérez, W., Gamboa, J. S., Falcon, Y., Coca, M., Raymundo, R., & Nelson, J. (2001). Genetic Structure of Peruvian Populations of *Phytophthora infestans*. *Phytopathology*, 91(10), 956-965. <http://apsjournals.apsnet.org/doi/10.1094/PHYTO.2001.91.10.956>
- Pinedo, H. M., Orrillo, M., Gamboa, S., Salas, A., Nelson, R., & Trognitz, B. (1999). *P. infestans* is established in the lomas of the Peruvian coastal desert. *Late blight: A threat to global food security*, 1, 127–128.
- Plata, G. (1998). Fenotipos de virulencia en Morochata y tipo sexual de apareamiento en Bolivia de *Phytophthora infestans* que afectan al cultivo de la en la zona de Morochata y determinación del tipo sexual de apareamiento de *Phytophthora infestans* en Bolivia. [Tesis para optar al grado de Ingeniero Agrónomo]. Universidad Mayor de San Simón.
- Pule, B. B., Meitz, J. C., Thompson, A. H., Linde, C. C., Fry, W. E., Langenhoven, S. D., Meyers, K. L., Kandolo, D. S., van Rij, N. C., & McLeod, A. (2012). *Phytophthora infestans* populations in central, eastern and southern African countries consist of two major clonal lineages: *Phytophthora infestans* in Africa. *Plant Pathology*, 62(1), 154–165. <https://doi.org/10.1111/j.1365-3059.2012.02608.x>
- Qiagen. (s. f.). *Qiagen DNeasy Plant Mini Kit cat. No. 69104*. <https://webcache.googleusercontent.com/search?q=cache:28EBKpjA7hQJ:https://www.qiagen.com/jp/resources/download.aspx%3Fid%3D6b9bcd96-d7d4-48a1-9838-58dbfb0e57d0%26lang%3Den+%&cd=1&hl=es&ct=clnk&gl=pe>
- Reis, A., Smart, C. D., Fry, W. E., Maffia, L. A., & Mizubuti, E. S. G. (2003). Characterization of Isolates of *Phytophthora infestans* from Southern and Southeastern Brazil from 1998 to 2000. *Plant Disease*, 87(8), 896–900. <https://doi.org/10.1094/PDIS.2003.87.8.896>
- Richards, T. A., Dacks, J. B., Jenkinson, J. M., Thornton, C. R., & Talbot, N. J. (2006). Evolution of Filamentous Plant Pathogens: Gene Exchange across Eukaryotic Kingdoms. *Current Biology*, 16(18), 1857–1864. <https://doi.org/10.1016/j.cub.2006.07.052>
- Ristaino, J. B. (2013). Worldwide Migrations, Host Shifts, and Reemergence of *Phytophthora Infestans*, the Plant Destroyer. En L. D. Sibley, B. J. Howlett, & J.

- Heitman (Eds.), *Evolution of Virulence in Eukaryotic Microbes* (pp. 192–207). John Wiley & Sons, Inc. <http://doi.wiley.com/10.1002/9781118308165.ch10>
- Rodriguez, L. E. (2009). Teorías sobre la clasificación taxonómica de las papas cultivadas (*Solanum* L. sect. *Petota* Dumort.). Una revisión. *Agronomía Colombiana*, 27(3), 305–312.
- Rodriguez, L. E. (2010). Origen y evolución de la papa cultivada. Una revisión. *Agronomía Colombiana*, 28(1), 9–17.
- Ruggiero, M. A., Gordon, D. P., Orrell, T. M., Bailly, N., Bourgoin, T., Brusca, R. C., Cavalier-Smith, T., Guiry, M. D., & Kirk, P. M. (2015). A Higher Level Classification of All Living Organisms. *PLOS ONE*, 10(4), e0119248. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0119248>
- Sansome, E. (1977). Polyploidy and Induced Gametangial Formation in British Isolates of *Phytophthora infestans*. *Microbiology*, 99 (2), <https://doi.org/10.1099/00221287-99-2-311>
- Sansome, E. (1965). Meiosis in Diploid and Polyploid Sex Organs of *Phytophthora* and *Achlya*. *CYTOLOGIA*, 30(2), 103–117. <https://doi.org/10.1508/cytologia.30.103>
- Santana, F. M., Gomes, C. B., Rombaldi, C., Bianchi, V. J., & Reis, A. (2013). Characterization of *Phytophthora infestans* populations of southern Brazil in 2004 and 2005. *Phytoparasitica*, 41(5), 557–568. <https://doi.org/10.1007/s12600-013-0316-y>
- Saville, A., Graham, K., Grunwald, N. J., Myers, K., Fry, W. E., and Ristaino, J. B. (2015). Fungicide sensitivity of US genotypes of *Phytophthora infestans* (Mont.) de Bary to six oomycete-targeted compounds. *Plant Dis.* 99: 659-666.
- Shattock, R. C. (1988). Studies on the inheritance of resistance to metalaxyl in *Phytophthora infestans*. *Plant Pathology*, 37(1), 4–11. <https://doi.org/10.1111/j.1365-3059.1988.tb02188.x>
- Song, J., Bradeen, J. M., Naess, S. K., Raasch, J. A., Wielgus, S. M., Haberlach, G. T., Liu, J., Kuang, H., Austin-Phillips, S., Buell, C. R., Helgeson, J. P., & Jiang, J. (2003). Gene RB cloned from *Solanum bulbocastanum* confers broad spectrum resistance to potato late blight. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 100(16), 9128–9133. <https://doi.org/10.1073/pnas.1533501100>
- Spooner, D. M., Nunez, J., Trujillo, G., del Rosario Herrera, M., Guzman, F., & Ghislain, M. (2007). Extensive simple sequence repeat genotyping of potato landraces supports a major reevaluation of their gene pool structure and classification. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 104(49), 19398–19403. <https://doi.org/10.1073/pnas.0709796104>
- Thiele, G. (1997). Sistemas Informales de Semilla de Papa en los Andes ¿Por qué son importantes y qué hacer con ellos?. Centro Internacional de la Papa.
- Tian, Y. E., Yin, J. L., Sun, J. P., Ma, Y. F., Wang, Q. H., Quan, J. L., & Shan, W. X. (2016). Population genetic analysis of *Phytophthora infestans* in northwestern China. *Plant Pathology*, 65(1), 17–25. <https://doi.org/10.1111/ppa.12392>

- Tooley, P. W., Fry, W. E., & Gonzalez, M. J. V. (1985). Isozyme characterization of sexual and asexual *Phytophthora infestans* populations. *Journal of Heredity*, 76, 431–435. <https://doi.org/10.1093/oxfordjournals.jhered.a110139>
- Tooley, P.W., Therrien, C.D., & Ritch, D.L. (1989). Mating type, race composition, nuclear DNA content, and isozyme analysis of Peruvian isolates of *Phytophthora infestans*. *Phytopathology*, 79, 478–481.
- Tooley, P.W., Therrien, C.D. (1989). Variation in ploidy in *Phytophthora infestans*. *Phytophthora: Symposium of the British Mycological Society. The British Society for Plant Pathology and Society of Irish Plant Pathologists*. Trinity College, Cambridge University.
- Torres, H. (2002). *Manual de las enfermedades más importantes de la papa en el Perú*. Centro Internacional de la Papa.
- van der Vossen, E., Sikkema, A., Hekkert, B. te L., Gros, J., Stevens, P., Muskens, M., Wouters, D., Pereira, A., Stiekema, W., & Allefs, S. (2003). An ancient R gene from the wild potato species *Solanum bulbocastanum* confers broad-spectrum resistance to *Phytophthora infestans* in cultivated potato and tomato. *The Plant Journal: For Cell and Molecular Biology*, 36(6), 867–882.
- van Poppel, P. M. J. A., Guo, J., van de Vondervoort, P. J. I., Jung, M. W. M., Birch, P. R. J., Whisson, S. C., & Govers, F. (2008). The *Phytophthora infestans* Avirulence Gene *Avr4* Encodes an RXLR-dEER Effector. *Molecular Plant-Microbe Interactions*, 21(11), 1460–1470. <https://doi.org/10.1094/MPMI-21-11-1460>
- Vargas, A. M., Quesada Ocampo, L. M., Céspedes, M. C., Carreño, N., González, A., Rojas, A., Zuluaga, A. P., Myers, K., Fry, W. E., Jiménez, P., Bernal, A. J., & Restrepo, S. (2009). Characterization of *Phytophthora infestans* populations in Colombia: First report of the A2 mating type. *Phytopathology*, 99(1), 82–88. <https://doi.org/10.1094/PHTO-99-1-0082>
- Verzaux, E. (2010). *Resistance and susceptibility to late blight in Solanum: Gene mapping, cloning and stacking*.
- Vleeshouwers, V. G. A. A., Raffaele, S., Vossen, J. H., Champouret, N., Oliva, R., Segretin, M. E., Rietman, H., Cano, L. M., Lokossou, A., Kessel, G., Pel, M. A., & Kamoun, S. (2011). Understanding and Exploiting Late Blight Resistance in the Age of Effectors. *Annual Review of Phytopathology*, 49(1), 507–531. <https://doi.org/10.1146/annurev-phyto-072910-095326>
- Vleeshouwers, V. G. A. A., Rietman, H., Krenek, P., Champouret, N., Young, C., Oh, S.-K., Wang, M., Bouwmeester, K., Vosman, B., Visser, R. G. F., Jacobsen, E., Govers, F., Kamoun, S., & Van der Vossen, E. A. G. (2008). Effector Genomics Accelerates Discovery and Functional Profiling of Potato Disease Resistance and *Phytophthora Infestans* Avirulence Genes. *PLoS ONE*, 3(8), e2875. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0002875>
- Vossen, E. A. G., Gros, J., Sikkema, A., Muskens, M., Wouters, D., Wolters, P., Pereira, A., & Allefs, S. (2005). The *Rpi-blb2* gene from *Solanum*

bulbocastanum is a Mi-1 gene homolog conferring broad-spectrum late blight resistance in potato: Isolation of the late blight resistance gene Rpi-blb2. *The Plant Journal*, 44(2), 208–222. <https://doi.org/10.1111/j.1365-313X.2005.02527.x>

Whatman FTA Protocol BD08: Preparing an FTA Disc for DNA Analysis. (s. f.). <https://es.scribd.com/document/209256512/BD08-Preparing-an-FTA-Disc-for-Analysis>

Wu, E., Wang, Y., Shen, L., & Lurwanu, Y. (2018) Strategies of *Phytophthora infestans* adaptation to local UV radiation conditions. *Evolutionary Applications* 12(3). DOI: 10.1111/eva.12722

Yoshida, K. et al. (2013). The rise and fall of the *Phytophthora infestans* lineage that triggered the Irish potato famine. *Elife* 2, e01108.

Yoshida, K., Burbano, H. A., Krause, J., Thines, M., Weigel, D., & Kamoun, S. (2014). Mining Herbaria for Plant Pathogen Genomes: Back to the Future. *PLoS Pathogens* 10 (4):e1004028. DOI: 10.1371/journal.ppat.1004028.

Yzarra, W., & López, F. (2011). *Manual de Observaciones Fenológicas*. SENAMHI.

ANEXOS

Anexo 1: Tabla informativa de datos de colecta de las 701 muestras de *P. infestans* estudiadas.

N°	Código CIP	Muestra	Hospedero	Cultivar/Varietal	Departamento	Provincia	Distrito	Centro Poblado	Campo	Latitud (Norte-Sur)	Longitud (Este-Oeste)	Altitud (m)	Fecha de colecta
1	PER-1223	PHU90A	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Huánuco	Ambo	Cayna	Cayna	60	-10.27197222	-76.39219444	3274	3/08/2016
2	PER-1224	PHU91A	<i>S. tuberosum</i>	Amarilis	Huánuco	Ambo	Cayna	Cayna	60	-10.27197222	-76.39219444	3274	3/08/2016
3	PER-1225	PHU1F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Huánuco	Ambo	Cayna	Cayna	60	-10.27197222	-76.39219444	3274	7/03/2016
4	PER-1226	PHU2F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Huánuco	Ambo	Cayna	Cayna	60	-10.27197222	-76.39219444	3274	7/03/2016
5	PER-1227	PHU3F	<i>S. tuberosum</i>	Amarilis	Huánuco	Ambo	Cayna	Cayna	60	-10.27197222	-76.39219444	3274	7/03/2016
6	PER-1228	PHU4F	<i>S. tuberosum</i>	Amarilis	Huánuco	Ambo	Cayna	Cayna	60	-10.27197222	-76.39219444	3274	7/03/2016
7	PER-1229	PHU92A	<i>S. goniocalyx</i>	Amarilla Tumbay	Huánuco	Ambo	Cayna	Cayna	61	-10.27138889	-76.39205556	3222	3/08/2016
8	PER-1230	PHU5F	<i>S. goniocalyx</i>	Amarilla Tumbay	Huánuco	Ambo	Cayna	Cayna	61	-10.27138889	-76.39205556	3222	7/03/2016
9	PER-1231	PHU6F	<i>S. goniocalyx</i>	Amarilla Tumbay	Huánuco	Ambo	Cayna	Cayna	61	-10.27138889	-76.39205556	3222	7/03/2016
10	PER-1232	PHU93A	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Huánuco	Huánuco	Chinchao	Micho	62	-9.763527778	-76.08152778	2542	3/08/2016
11	PER-1233	PHU7F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Huánuco	Huánuco	Chinchao	Micho	62	-9.763527778	-76.08152778	2542	8/03/2016
12	PER-1234	PHU8F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Huánuco	Huánuco	Chinchao	Micho	62	-9.763527778	-76.08152778	2542	8/03/2016
13	PER-1235	PHU9F	<i>S. tuberosum</i>	Canchán	Huánuco	Huánuco	Chinchao	Micho	63	-9.763138889	-76.08016667	2566	8/03/2016
14	PER-1236	PHU10F	<i>S. tuberosum</i>	Canchán	Huánuco	Huánuco	Chinchao	Micho	63	-9.763138889	-76.08016667	2566	8/03/2016
15	PER-1237	PHU11F	<i>S. tuberosum</i>	Canchán	Huánuco	Huánuco	Chinchao	Micho	63	-9.763138889	-76.08016667	2566	8/03/2016
16	PER-1238	PHU12F	<i>S. tuberosum</i>	Capiro	Huánuco	Huánuco	San Pablo de Pillao	Minas	64	-9.795527778	-76.00064167	2793	8/03/2016
17	PER-1239	PHU13F	<i>S. tuberosum</i>	Capiro	Huánuco	Huánuco	San Pablo de Pillao	Minas	64	-9.795527778	-76.00064167	2793	8/03/2016
18	PER-1240	PHU14F	<i>S. tuberosum</i>	Capiro	Huánuco	Huánuco	San Pablo de Pillao	Minas	64	-9.795527778	-76.00064167	2793	8/03/2016
19	PER-1241	PHU15F	<i>S. tuberosum</i>	Capiro	Huánuco	Huánuco	San Pablo de Pillao	Minas	64	-9.795527778	-76.00064167	2793	8/03/2016
20	PER-1242	PHU94A	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Huánuco	Huánuco	San Pablo de Pillao	Pillao	65	-9.794222222	-75.99980556	2839	3/08/2016
21	PER-1243	PHU16F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Huánuco	Huánuco	San Pablo de Pillao	Pillao	65	-9.794222222	-75.99980556	2839	8/03/2016
22	PER-1244	PHU17F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Huánuco	Huánuco	San Pablo de Pillao	Pillao	65	-9.794222222	-75.99980556	2839	8/03/2016
23	PER-1245	PHU18F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Huánuco	Huánuco	San Pablo de Pillao	Pillao	65	-9.794222222	-75.99980556	2839	8/03/2016
24	PER-1246	PHU95A	<i>S. tuberosum</i>	Capiro	Huánuco	Huánuco	San Pablo de Pillao	San Pedro de Chaupallga	66	-9.743638889	-76.00991667	3170	3/08/2016
25	PER-1247	PHU19F	<i>S. tuberosum</i>	Capiro	Huánuco	Huánuco	San Pablo de Pillao	San Pedro de Chaupallga	66	-9.743638889	-76.00991667	3170	8/03/2016
26	PER-1248	PHU20F	<i>S. tuberosum</i>	Capiro	Huánuco	Huánuco	San Pablo de Pillao	San Pedro de Chaupallga	66	-9.743638889	-76.00991667	3170	8/03/2016
27	PER-1249	PHU96A	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Huánuco	Pachitea	Umari	Jircahuasi	67	-9.899888889	-76.03138889	2748	3/08/2016
28	PER-1250	PHU21F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Huánuco	Pachitea	Umari	Jircahuasi	67	-9.899888889	-76.03138889	2748	8/03/2016
29	PER-1251	PHU22F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Huánuco	Pachitea	Umari	Jircahuasi	67	-9.899888889	-76.03138889	2748	9/03/2016
30	PER-1252	PHU23F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Huánuco	Pachitea	Umari	Jircahuasi	67	-9.899888889	-76.03138889	2748	9/03/2016
31	PER-1253	PHU24F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Huánuco	Pachitea	Umari	Jircahuasi	67	-9.899888889	-76.03138889	2748	9/03/2016
32	PER-1254	PHU25F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Huánuco	Pachitea	Umari	Jircahuasi	67	-9.899888889	-76.03138889	2748	9/03/2016
33	PER-1255	PHU26F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Huánuco	Pachitea	Umari	Jircahuasi	67	-9.899888889	-76.03138889	2748	9/03/2016
34	PER-1256	PHU27F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Huánuco	Pachitea	Umari	Jircahuasi	67	-9.899888889	-76.03138889	2748	9/03/2016
35	PER-1257	PHU97A	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Huánuco	Pachitea	Panao	Purupampa	68	-9.885916667	-75.97738889	2596	3/08/2016
36	PER-1258	PHU98A	<i>S. tuberosum</i>	Canchán	Huánuco	Pachitea	Panao	Purupampa	68	-9.885916667	-75.97738889	2596	3/08/2016
37	PER-1259	PHU28F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Huánuco	Pachitea	Panao	Purupampa	68	-9.885916667	-75.97738889	2596	9/03/2016
38	PER-1260	PHU29F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Huánuco	Pachitea	Panao	Purupampa	68	-9.885916667	-75.97738889	2596	9/03/2016
39	PER-1261	PHU30F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Huánuco	Pachitea	Panao	Purupampa	68	-9.885916667	-75.97738889	2596	9/03/2016
40	PER-1262	PHU31F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Huánuco	Pachitea	Panao	Purupampa	68	-9.885916667	-75.97738889	2596	9/03/2016

N°	Código CIP	Muestra	Hospedero	Cultivar/Varietal	Departamento	Provincia	Distrito	Centro Poblado	Campo	Latitud (Norte-Sur)	Longitud (Este-Oeste)	Altitud (m)	Fecha de colecta
41	PER-1263	PHU32F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Huánuco	Pachitea	Panao	Purupampa	68	-9.885916667	-75.97738889	2596	9/03/2016
42	PER-1264	PHU33F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Huánuco	Pachitea	Panao	Purupampa	68	-9.885916667	-75.97738889	2596	9/03/2016
43	PER-1265	PHU34F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Huánuco	Pachitea	Panao	Purupampa	68	-9.885916667	-75.97738889	2596	9/03/2016
44	PER-1266	PHU35F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Huánuco	Pachitea	Panao	Purupampa	68	-9.885916667	-75.97738889	2596	9/03/2016
45	PER-1267	PHU36F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Huánuco	Pachitea	Panao	Purupampa	68	-9.885916667	-75.97738889	2596	9/03/2016
46	PER-1268	PHU99A	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Huánuco	Pachitea	Chaglla	Rambrashpata	69	-9.846111111	-75.897	3158	3/08/2016
47	PER-1269	PHU102A	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Huánuco	Pachitea	Chaglla	Rambrashpata	69	-9.846111111	-75.897	3158	3/08/2016
48	PER-1270	PHU37F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Huánuco	Pachitea	Chaglla	Rambrashpata	69	-9.846111111	-75.897	3158	9/03/2016
49	PER-1271	PHU38F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Huánuco	Pachitea	Chaglla	Rambrashpata	69	-9.846111111	-75.897	3158	9/03/2016
50	PER-1272	PHU39F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Huánuco	Pachitea	Chaglla	Rambrashpata	69	-9.846111111	-75.897	3158	9/03/2016
51	PER-1273	PHU40F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Huánuco	Pachitea	Chaglla	Rambrashpata	69	-9.846111111	-75.897	3158	9/03/2016
52	PER-1274	PHU41F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Huánuco	Pachitea	Chaglla	Rambrashpata	69	-9.846111111	-75.897	3158	9/03/2016
53	PER-1275	PHU42F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Huánuco	Pachitea	Chaglla	Rambrashpata	69	-9.846111111	-75.897	3158	9/03/2016
54	PER-1276	PHU43F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Huánuco	Pachitea	Chaglla	Rambrashpata	69	-9.846111111	-75.897	3158	9/03/2016
55	PER-1277	PHU44F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Huánuco	Pachitea	Chaglla	Rambrashpata	69	-9.846111111	-75.897	3158	9/03/2016
56	PER-1278	PHU45F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Huánuco	Pachitea	Chaglla	Rambrashpata	69	-9.846111111	-75.897	3158	9/03/2016
57	PER-1279	PHU46F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Huánuco	Pachitea	Chaglla	Rambrashpata	69	-9.846111111	-75.897	3158	9/03/2016
58	PER-1280	PHU47F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Huánuco	Pachitea	Chaglla	Rambrashpata	69	-9.846111111	-75.897	3158	9/03/2016
59	PER-1281	PHU48F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Huánuco	Pachitea	Chaglla	Rambrashpata	69	-9.846111111	-75.897	3158	9/03/2016
60	PER-1282	PHU100A	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Huánuco	Huánuco	Amarilis	Chicchuy	70	-9.973388889	-76.202	2610	3/08/2016
61	PER-1283	PHU101A	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Huánuco	Huánuco	Amarilis	Chicchuy	70	-9.973388889	-76.202	2610	3/08/2016
62	PER-1284	PHU49F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Huánuco	Huánuco	Amarilis	Chicchuy	70	-9.973388889	-76.202	2610	9/03/2016
63	PER-1285	PHU50F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Huánuco	Huánuco	Amarilis	Chicchuy	70	-9.973388889	-76.202	2610	9/03/2016
64	PER-1286	PHU51F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Huánuco	Huánuco	Amarilis	Chicchuy	70	-9.973388889	-76.202	2610	9/03/2016
65	PER-1287	PHU52F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Huánuco	Huánuco	Amarilis	Chicchuy	70	-9.973388889	-76.202	2610	9/03/2016
66	PER-1288	PHU53F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Huánuco	Huánuco	Amarilis	Chicchuy	70	-9.973388889	-76.202	2610	9/03/2016
67	PER-1289	PHU54F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Huánuco	Huánuco	Amarilis	Chicchuy	70	-9.973388889	-76.202	2610	9/03/2016
68	PER-1290	PHU55F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Huánuco	Huánuco	Amarilis	Chicchuy	70	-9.973388889	-76.202	2610	9/03/2016
69	PER-1291	PHU56F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Huánuco	Huánuco	Amarilis	Chicchuy	70	-9.973388889	-76.202	2610	9/03/2016
70	PER-1292	PHU57F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Huánuco	Huánuco	Amarilis	Chicchuy	70	-9.973388889	-76.202	2610	9/03/2016
71	PER-1293	PHU58F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Huánuco	Huánuco	Amarilis	Chicchuy	70	-9.973388889	-76.202	2610	9/03/2016
72	PER-1294	PHU59F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Huánuco	Huánuco	Amarilis	Chicchuy	70	-9.973388889	-76.202	2610	9/03/2016
73	PER-1295	PHU60F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Huánuco	Huánuco	Amarilis	Chicchuy	70	-9.973388889	-76.202	2610	8/03/2016
74	PER-1296	PJU061F	<i>S. tuberosum</i>	395096.2	Junín	Concepción	Comas	Mullaca	71	-11.715	-75.0792	2362	20/03/2016
75	PER-1297	PJU062F	<i>S. tuberosum</i>	301056.54	Junín	Concepción	Comas	Mullaca	71	-11.715	-75.0792	2362	20/03/2016
76	PER-1298	PJU063F	<i>S. tuberosum</i>	301041.26	Junín	Concepción	Comas	Mullaca	71	-11.715	-75.0792	2362	20/03/2016
77	PER-1299	PJU064F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Junín	Concepción	Comas	Mullaca	72	-11.715	-75.0792	2265	20/03/2016
78	PER-1300	PJU065F	<i>S. tuberosum</i>	396272.12	Junín	Concepción	Comas	Mullaca	71	-11.715	-75.0792	2362	20/03/2016
79	PER-1301	PJU066F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Junín	Concepción	Comas	Mullaca	72	-11.715	-75.0792	2265	20/03/2016
80	PER-1302	PJU067F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Junín	Concepción	Comas	Mullaca	72	-11.715	-75.0792	2265	20/03/2016
81	PER-1303	PJU068F	<i>S. tuberosum</i>	395084.9	Junín	Concepción	Comas	Mullaca	73	-11.715	-75.0792	2218	20/03/2016
82	PER-1304	PJU069F	<i>S. tuberosum</i>	396268.1	Junín	Concepción	Comas	Mullaca	73	-11.715	-75.0792	2218	20/03/2016

N°	Código CIP	Muestra	Hospedero	Cultivar/Variiedad	Departamento	Provincia	Distrito	Centro Poblado	Campo	Latitud (Norte-Sur)	Longitud (Este-Oeste)	Altitud (m)	Fecha de colecta
83	PER-1305	PJU070F	<i>S. tuberosum</i>	396269.14	Junín	Concepción	Comas	Mullaca	73	-11.715	-75.0792	2218	20/03/2016
84	PER-1306	PJU071F	<i>S. tuberosum</i>	Cruza 148	Junín	Concepción	Comas	Mullaca	73	-11.715	-75.0792	2218	20/03/2016
85	PER-1307	PJU072F	<i>S. tuberosum</i>	396272.18	Junín	Concepción	Comas	Mullaca	73	-11.715	-75.0792	2218	20/03/2016
86	PER-1308	PJU073F	<i>S. tuberosum</i>	396268.9	Junín	Concepción	Comas	Mullaca	73	-11.715	-75.0792	2218	20/03/2016
87	PER-1309	PJU074F	<i>S. tuberosum</i>	Kory	Junín	Concepción	Comas	Mullaca	73	-11.715	-75.0792	2218	20/03/2016
88	PER-1310	PAN27A	<i>S. tuberosum</i>	Papa nativa	Ancash	Recuay	Catac	Shique	11	-9.84475	-77.40905556	3750	28/03/2016
89	PER-1311	PAN75F	<i>S. tuberosum</i>	Papa nativa	Ancash	Recuay	Catac	Shique	11	-9.84475	-77.40905556	3750	28/03/2016
90	PER-1312	PAN76F	<i>S. tuberosum</i>	Papa nativa	Ancash	Recuay	Catac	Torojata	12	-9.819611111	-77.41991667	3628	28/03/2016
91	PER-1313	PAN77F	<i>S. tuberosum</i>	Papa nativa	Ancash	Recuay	Catac	Torojata	12	-9.819611111	-77.41991667	3628	28/03/2016
92	PER-1314	PAN78F	<i>S. tuberosum</i>	Papa nativa	Ancash	Recuay	Catac	Torojata	12	-9.819611111	-77.41991667	3628	28/03/2016
93	PER-1315	PAN79F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Ancash	Recuay	Catac	Catacpata	18	-9.801888889	-77.42236111	3656	28/03/2016
94	PER-1316	PAN28A	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Ancash	Recuay	Recuay	Hatunhashu	14	-9.722916667	-77.47994444	3864	28/03/2016
95	PER-1317	PAN80F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Ancash	Recuay	Recuay	Hatunhashu	14	-9.722916667	-77.47994444	3864	28/03/2016
96	PER-1318	PAN81F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Ancash	Recuay	Recuay	Hatunhashu	14	-9.722916667	-77.47994444	3864	28/03/2016
97	PER-1319	PAN82F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Ancash	Recuay	Recuay	Hatunhashu	14	-9.722916667	-77.47994444	3864	28/03/2016
98	PER-1320	PAN83F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Ancash	Recuay	Recuay	Hatunhashu	15	-9.72275	-77.47775	3801	28/03/2016
99	PER-1321	PAN84F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Ancash	Recuay	Recuay	Hatunhashu	15	-9.72275	-77.47775	3801	28/03/2016
100	PER-1322	PAN85F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Ancash	Recuay	Recuay	Hatunhashu	15	-9.72275	-77.47775	3801	28/03/2016
101	PER-1323	PAN86F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Ancash	Recuay	Recuay	Hatunhashu	15	-9.72275	-77.47775	3801	28/03/2016
102	PER-1324	PAN29A	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Ancash	Recuay	Recuay	Hatunhashu	16	-9.727777778	-77.4585	3560	28/03/2016
103	PER-1325	PAN30A	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Ancash	Recuay	Recuay	Hatunhashu	16	-9.727777778	-77.4585	3560	28/03/2016
104	PER-1326	PAN87F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Ancash	Recuay	Recuay	Hatunhashu	16	-9.727777778	-77.4585	3560	28/03/2016
105	PER-1327	PAN88F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Ancash	Recuay	Recuay	Hatunhashu	16	-9.727777778	-77.4585	3560	28/03/2016
106	PER-1328	PAN89F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Ancash	Recuay	Recuay	Hatunhashu	16	-9.727777778	-77.4585	3560	28/03/2016
107	PER-1329	PAN90F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Ancash	Huaraz	Olleros	Aco	17	-9.645666667	-77.48708333	3283	28/03/2016
108	PER-1330	PAN91F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Ancash	Huaraz	Olleros	Aco	17	-9.645666667	-77.48708333	3283	28/03/2016
109	PER-1331	PAN92F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Ancash	Huaraz	Olleros	Aco	17	-9.645666667	-77.48708333	3283	28/03/2016
110	PER-1332	PAN93F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Ancash	Recuay	Catac	Catacpata	18	-9.801888889	-77.42236111	3656	28/03/2016
111	PER-1333	PAN94F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Ancash	Recuay	Catac	Catacpata	18	-9.801888889	-77.42236111	3656	28/03/2016
112	PER-1334	PAN95F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Ancash	Recuay	Catac	Catacpata	18	-9.801888889	-77.42236111	3656	28/03/2016
113	PER-1335	PAN31A	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Ancash	Carhuaz	Marcará	Tuyu Alto	19	-9.315361111	-77.59419444	2875	29/03/2016
114	PER-1336	PAN96F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Ancash	Carhuaz	Marcará	Tuyu Alto	19	-9.315361111	-77.59419444	2875	28/03/2016
115	PER-1337	PAN97F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Ancash	Carhuaz	Marcará	Tuyu Alto	19	-9.315361111	-77.59419444	2875	28/03/2016
116	PER-1338	PAN98F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Ancash	Carhuaz	Marcará	Tuyu Alto	19	-9.315361111	-77.59419444	2875	28/03/2016
117	PER-1339	PAN99F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Ancash	Carhuaz	Marcará	Tuyu Alto	19	-9.315361111	-77.59419444	2875	28/03/2016
118	PER-1340	PAN100F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Ancash	Carhuaz	Marcará	Cruz-pampa	20	-9.309777778	-77.58365556	3095	28/03/2016
119	PER-1341	PAN32A	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Ancash	Carhuaz	Marcará	Cruz Pampa	20	-9.309777778	-77.58365556	3095	29/03/2016
120	PER-1342	PAN101F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Ancash	Carhuaz	Marcará	Cruz-pampa	20	-9.309777778	-77.58365556	3095	29/03/2016
121	PER-1343	PAN102F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Ancash	Carhuaz	Marcará	Cruz-pampa	20	-9.309777778	-77.58365556	3095	29/03/2016
122	PER-1344	PAN103F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Ancash	Carhuaz	Marcará	Cruz-pampa	20	-9.309777778	-77.58365556	3095	29/03/2016
123	PER-1345	PAN104F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Ancash	Carhuaz	Marcará	Cruz-pampa	20	-9.309777778	-77.58365556	3095	29/03/2016
124	PER-1346	PAN33A	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Ancash	Carhuaz	Carhuaz	Carancapampa	21	-9.296861111	-77.57327778	3321	29/03/2016

N°	Código CIP	Muestra	Hospedero	Cultivar/Variiedad	Departamento	Provincia	Distrito	Centro Poblado	Campo	Latitud (Norte-Sur)	Longitud (Este-Oeste)	Altitud (m)	Fecha de colecta
125	PER-1347	PAN105F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Ancash	Carhuaz	Carhuaz	Carancapampa	21	-9.296861111	-77.57327778	3321	29/03/2016
126	PER-1348	PAN106F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Ancash	Carhuaz	Carhuaz	Carancapampa	21	-9.296861111	-77.57327778	3321	29/03/2016
127	PER-1349	PAN107F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Ancash	Carhuaz	Carhuaz	Carancapampa	21	-9.296861111	-77.57327778	3321	29/03/2016
128	PER-1350	PAN34A	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Ancash	Carhuaz	Carhuaz	Carancapampa	22	-9.295666667	-77.57161111	3327	29/03/2016
129	PER-1351	PAN35A	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Ancash	Carhuaz	Carhuaz	Carancapampa	22	-9.295666667	-77.57161111	3327	29/03/2016
130	PER-1352	PAN36A	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Ancash	Carhuaz	Carhuaz	Carancapampa	22	-9.295666667	-77.57161111	3327	29/03/2016
131	PER-1353	PAN44A	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Ancash	Carhuaz	Carhuaz	Carancapampa	22	-9.295666667	-77.57161111	3327	29/03/2016
132	PER-1354	PAN108F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Ancash	Carhuaz	Carhuaz	Carancapampa	22	-9.295666667	-77.57161111	3327	29/03/2016
133	PER-1355	PAN109F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Ancash	Carhuaz	Carhuaz	Carancapampa	22	-9.295666667	-77.57161111	3327	29/03/2016
134	PER-1356	PAN123F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Ancash	Carhuaz	Carhuaz	Carancapampa	22	-9.295666667	-77.57161111	3327	30/03/2016
135	PER-1357	PAN37A	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Ancash	Carhuaz	Carhuaz	Carancapampa	23	-9.201194444	-77.62833333	3406	29/03/2016
136	PER-1358	PAN110F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Ancash	Carhuaz	Carhuaz	Carancapampa	23	-9.201194444	-77.62833333	3406	29/03/2016
137	PER-1359	PAN111F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Ancash	Carhuaz	Carhuaz	Carancapampa	23	-9.201194444	-77.62833333	3406	29/03/2016
138	PER-1360	PAN112F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Ancash	Carhuaz	Carhuaz	Carancapampa	23	-9.201194444	-77.62833333	3406	29/03/2016
139	PER-1361	PAN113F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Ancash	Carhuaz	Carhuaz	Carancapampa	23	-9.201194444	-77.62833333	3406	29/03/2016
140	PER-1362	PAN38A	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Ancash	Yungay	Mancos	Ushno	24	-9.190444444	-77.62833333	3481	29/03/2016
141	PER-1363	PAN39A	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Ancash	Yungay	Mancos	Ushno	24	-9.190444444	-77.62833333	3481	29/03/2016
142	PER-1364	PAN45A	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Ancash	Yungay	Mancos	Ushno	24	-9.190444444	-77.62833333	3481	29/03/2016
143	PER-1365	PAN114F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Ancash	Yungay	Mancos	Ushno	24	-9.190444444	-77.62833333	3481	29/03/2016
144	PER-1366	PAN115F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Ancash	Yungay	Mancos	Ushno	24	-9.190444444	-77.62833333	3481	29/03/2016
145	PER-1367	PAN116F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Ancash	Yungay	Mancos	Ushno	24	-9.190444444	-77.62833333	3481	29/03/2016
146	PER-1368	PAN117F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Ancash	Yungay	Mancos	Ushno	24	-9.190444444	-77.62833333	3481	29/03/2016
147	PER-1369	PAN118F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Ancash	Yungay	Mancos	Ushno	24	-9.190444444	-77.62833333	3481	29/03/2016
148	PER-1370	PAN119F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Ancash	Yungay	Mancos	Ushno	24	-9.190444444	-77.62833333	3481	29/03/2016
149	PER-1371	PAN120F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Ancash	Yungay	Mancos	Ushno	24	-9.190444444	-77.62833333	3481	29/03/2016
150	PER-1372	PAN121F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Ancash	Yungay	Mancos	Ushno	24	-9.190444444	-77.62833333	3481	29/03/2016
151	PER-1373	PAN122F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Ancash	Yungay	Mancos	Ushno	24	-9.190444444	-77.62833333	3481	29/03/2016
152	PER-1374	PAN40A	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Ancash	Yungay	Yungay	Masra	25	-9.088194444	-77.73183333	3044	29/03/2016
153	PER-1375	PAN41A	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Ancash	Yungay	Yungay	Masra	25	-9.088194444	-77.73183333	3044	29/03/2016
154	PER-1376	PAN124F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Ancash	Yungay	Yungay	Masra	25	-9.088194444	-77.73183333	3044	30/03/2016
155	PER-1377	PAN125F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Ancash	Yungay	Yungay	Masra	25	-9.088194444	-77.73183333	3044	30/03/2016
156	PER-1378	PAN126F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Ancash	Yungay	Yungay	Masra	25	-9.088194444	-77.73183333	3044	30/03/2016
157	PER-1379	PAN42A	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Ancash	Yungay	Yungay	Rayan	26	-9.083222222	-77.73016667	3214	29/03/2016
158	PER-1380	PAN127F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Ancash	Yungay	Yungay	Rayan	26	-9.083222222	-77.73016667	3214	30/03/2016
159	PER-1381	PAN128F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Ancash	Yungay	Yungay	Rayan	26	-9.083222222	-77.73016667	3214	30/03/2016
160	PER-1382	PAN129F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Ancash	Yungay	Yungay	Rayan	26	-9.083222222	-77.73016667	3214	30/03/2016
161		PAN130F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Ancash	Yungay	Yungay	Rayan	26	-9.083222222	-77.73016667	3214	30/03/2016
162	PER-1383	PAN131F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Ancash	Yungay	Yungay	Rayan	27	-9.069166667	-77.72711111	3468	30/03/2016
163	PER-1384	PAN132F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Ancash	Yungay	Yungay	Rayan	27	-9.069166667	-77.72711111	3468	30/03/2016
164	PER-1385	PAN133F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Ancash	Yungay	Yungay	Rayan	27	-9.069166667	-77.72711111	3468	30/03/2016
165	PER-1386	PAN134F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Ancash	Yungay	Yungay	Rayan	28	-9.069861111	-77.7235	3483	30/03/2016
166	PER-1387	PAN135F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Ancash	Yungay	Yungay	Rayan	28	-9.069861111	-77.7235	3483	30/03/2016

N°	Código CIP	Muestra	Hospedero	Cultivar/Variiedad	Departamento	Provincia	Distrito	Centro Poblado	Campo	Latitud (Norte-Sur)	Longitud (Este-Oeste)	Altitud (m)	Fecha de colecta
167	PER-1388	PAN136F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Ancash	Yungay	Yungay	Rayan	28	-9.069861111	-77.7235	3483	30/03/2016
168	PER-1389	PAN137F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Ancash	Yungay	Yungay	Huarca Alta	29	-9.069861111	-77.7235	3428	30/03/2016
169	PER-1390	PAN138F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Ancash	Yungay	Yungay	Huarca Alta	29	-9.069861111	-77.7235	3428	30/03/2016
170	PER-1391	PAN139F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Ancash	Yungay	Yungay	Huarca Alta	29	-9.069861111	-77.7235	3428	30/03/2016
171	PER-1392	PAN140F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Ancash	Yungay	Yungay	Huarca Alta	29	-9.069861111	-77.7235	3428	30/03/2016
172	PER-1393	PCAC1-1F	<i>S. tuberosum</i>	Amarilis	Cajamarca	Cajamarca	Llanacora	Marcobamba	32	-7.164055556	-78.40694444	3031	28/03/2016
173	PER-1394	PCAC1-2F	<i>S. tuberosum</i>	Amarilis	Cajamarca	Cajamarca	Llanacora	Marcobamba	32	-7.164055556	-78.40694444	3031	28/03/2016
174	PER-1395	PCAC2-1F	<i>S. tuberosum</i>	Amarilis	Cajamarca	Cajamarca	Llanacora	Marcobamba	32	-7.164055556	-78.40694444	3031	28/03/2016
175	PER-1396	PCAC3-1F	<i>S. tuberosum</i>	Amarilis	Cajamarca	Cajamarca	Llanacora	Marcobamba	32	-7.164055556	-78.40694444	3031	28/03/2016
176	PER-1397	PCAC4-1F	<i>S. tuberosum</i>	Amarilis	Cajamarca	Cajamarca	Llanacora	Marcobamba	32	-7.164055556	-78.40694444	3031	28/03/2016
177	PER-1398	PCAC7-1F	<i>S. tuberosum</i>	Amarilis	Cajamarca	Cajamarca	Llanacora	Marcobamba	33	-7.164055556	-78.40694444	3114	28/03/2016
178	PER-1399	PCA1F	<i>S. tuberosum</i>	Amarilis	Cajamarca	Cajamarca	Llanacora	Marcobamba	30	-7.164055556	-78.40694444	3031	28/03/2016
179	PER-1400	PCA2F	<i>S. tuberosum</i>	Amarilis	Cajamarca	Cajamarca	Llanacora	Marcobamba	30	-7.164055556	-78.40694444	3031	28/03/2016
180	PER-1401	PCA3F	<i>S. tuberosum</i>	Amarilis	Cajamarca	Cajamarca	Llanacora	Marcobamba	30	-7.164055556	-78.40694444	3031	28/03/2016
181	PER-1402	PCA4F	<i>S. tuberosum</i>	Amarilis	Cajamarca	Cajamarca	Llanacora	Marcobamba	30	-7.164055556	-78.40694444	3031	28/03/2016
182	PER-1403	PCA5F	<i>S. tuberosum</i>	Amarilis	Cajamarca	Cajamarca	Llanacora	Marcobamba	30	-7.164055556	-78.40694444	3031	28/03/2016
183	PER-1404	PCA6F	<i>S. tuberosum</i>	Amarilis	Cajamarca	Cajamarca	Llanacora	Marcobamba	31	-7.164055556	-78.40694444	3031	28/03/2016
184	PER-1405	PCA8F	<i>S. tuberosum</i>	Amarilis	Cajamarca	Cajamarca	Llanacora	Marcobamba	31	-7.164055556	-78.40694444	3031	28/03/2016
185	PER-1406	PCA9F	<i>S. tuberosum</i>	Amarilis	Cajamarca	Cajamarca	Encañada	Pampa culebra	34	-7.091156	-78.337622	3300	28/03/2016
186	PER-1407	PCA10F	<i>S. tuberosum</i>	Amarilis	Cajamarca	Cajamarca	Encañada	Pampa culebra	34	-7.091156	-78.337622	3300	28/03/2016
187	PER-1408	PCA11F	<i>S. tuberosum</i>	Amarilis	Cajamarca	Cajamarca	Encañada	Pampa culebra	34	-7.091156	-78.337622	3300	28/03/2016
188	PER-1409	PCA12F	<i>S. tuberosum</i>	Amarilis	Cajamarca	Cajamarca	Encañada	Pampa culebra	34	-7.091156	-78.337622	3300	28/03/2016
189	PER-1410	PCA13F	<i>S. tuberosum</i>	Amarilis	Cajamarca	Cajamarca	Encañada	Pampa culebra	34	-7.091156	-78.337622	3300	28/03/2016
190	PER-1411	PCA14F	<i>S. tuberosum</i>	Amarilis	Cajamarca	Cajamarca	Encañada	Pampa culebra	34	-7.091156	-78.337622	3300	28/03/2016
191	PER-1412	PCA15F	<i>S. tuberosum</i>	Amarilis	Cajamarca	Cajamarca	Encañada	Pampa culebra	34	-7.091156	-78.337622	3300	28/03/2016
192	PER-1413	PCA16F	<i>S. tuberosum</i>	Amarilis	Cajamarca	Cajamarca	Encañada	Pampa culebra	34	-7.091156	-78.337622	3300	28/03/2016
193	PER-1414	PCA18F	<i>S. tuberosum</i>	Amarilis	Cajamarca	Cajamarca	Encañada	Pampa culebra	34	-7.091156	-78.337622	3300	28/03/2016
194	PER-1415	PCA72A	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Cajamarca	Hualgayoc	Hualgayoc	El Cobro	35	-6.786183	-78.592509	3680	2016
195		PCA73adn	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Cajamarca	Hualgayoc	Hualgayoc	El Cobro	35	-6.786183	-78.592509	3680	2016
196	PER-1416	PCA74A	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Cajamarca	Hualgayoc	Hualgayoc	El Cobro	35	-6.786183	-78.592509	3680	2016
197	PER-1417	PCA75A	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Cajamarca	Hualgayoc	Hualgayoc	El Cobro	35	-6.786183	-78.592509	3680	2016
198	PER-1418	PCA76A	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Cajamarca	Hualgayoc	Hualgayoc	El Cobro	35	-6.786183	-78.592509	3680	2016
199	PER-1419	PCA19F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Cajamarca	Hualgayoc	Hualgayoc	El Cobro	35	-6.786183	-78.592509	3680	28/03/2016
200	PER-1420	PCA20F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Cajamarca	Hualgayoc	Hualgayoc	El Cobro	35	-6.786183	-78.592509	3680	28/03/2016
201	PER-1421	PCA21F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Cajamarca	Hualgayoc	Hualgayoc	El Cobro	35	-6.786183	-78.592509	3680	28/03/2016
202	PER-1422	PCA22F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Cajamarca	Hualgayoc	Hualgayoc	El Cobro	35	-6.786183	-78.592509	3680	28/03/2016
203	PER-1423	PCA24F	<i>S. tuberosum</i>	Perricholi	Cajamarca	Chota	Tacabamba	Cumpampa	36	-6.386527778	-78.59536111	2091	29/03/2016
204	PER-1424	PCA25F	<i>S. tuberosum</i>	Perricholi	Cajamarca	Chota	Tacabamba	Cumpampa	36	-6.386527778	-78.59536111	2091	29/03/2016
205	PER-1425	PCA26F	<i>S. tuberosum</i>	Perricholi	Cajamarca	Chota	Tacabamba	Cumpampa	36	-6.386527778	-78.59536111	2091	29/03/2016
206	PER-1426	PCA27F	<i>S. tuberosum</i>	Perricholi	Cajamarca	Chota	Tacabamba	Cumpampa	36	-6.386527778	-78.59536111	2091	29/03/2016
207	PER-1427	PCA28F	<i>S. tuberosum</i>	Perricholi	Cajamarca	Chota	Tacabamba	Cumpampa	36	-6.386527778	-78.59536111	2091	29/03/2016
208	PER-1428	PCA77A	<i>S. tuberosum</i>	Amarilis	Cajamarca	Chota	Conchan	Chilmes	37	-6.470305556	-78.64102778	2707	2016

N°	Código CIP	Muestra	Hospedero	Cultivar/Varietad	Departamento	Provincia	Distrito	Centro Poblado	Campo	Latitud (Norte-Sur)	Longitud (Este-Oeste)	Altitud (m)	Fecha de colecta
209	PER-1429	PCA78A	<i>S. tuberosum</i>	Amarilis	Cajamarca	Chota	Conchan	Chilmes	37	-6.470305556	-78.64102778	2707	2016
210	PER-1430	PCA29F	<i>S. tuberosum</i>	Amarilis	Cajamarca	Chota	Conchan	Chilmes	37	-6.470305556	-78.64102778	2707	31/03/2016
211	PER-1431	PCA30F	<i>S. tuberosum</i>	Amarilis	Cajamarca	Chota	Conchan	Chilmes	37	-6.470305556	-78.64102778	2707	31/03/2016
212	PER-1432	PCA31F	<i>S. tuberosum</i>	Amarilis	Cajamarca	Chota	Conchan	Chilmes	37	-6.470305556	-78.64102778	2707	31/03/2016
213	PER-1433	PCA32F	<i>S. tuberosum</i>	Amarilis	Cajamarca	Chota	Conchan	Chilmes	37	-6.470305556	-78.64102778	2707	31/03/2016
214	PER-1434	PCA33F	<i>S. tuberosum</i>	Amarilis	Cajamarca	Chota	Conchan	Chilmes	37	-6.470305556	-78.64102778	2707	31/03/2016
215	PER-1435	PCA34F	<i>S. tuberosum</i>	Amarilis	Cajamarca	Chota	Conchan	Chilmes	37	-6.470305556	-78.64102778	2707	31/03/2016
216	PER-1436	PCA79A	<i>S. tuberosum</i>	Perricholi	Cajamarca	Chota	Chota	Colpa tuapampa	38	-6.502861111	-78.598	2779	2016
217	PER-1437	PCA80A	<i>S. tuberosum</i>	Perricholi	Cajamarca	Chota	Chota	Colpa tuapampa	38	-6.502861111	-78.598	2779	2016
218	PER-1438	PCA81A	<i>S. tuberosum</i>	Perricholi	Cajamarca	Chota	Chota	Colpa tuapampa	38	-6.502861111	-78.598	2779	2016
219	PER-1439	PCA82A	<i>S. tuberosum</i>	Perricholi	Cajamarca	Chota	Chota	Colpa tuapampa	38	-6.502861111	-78.598	2779	2016
220	PER-1440	PCA35F	<i>S. tuberosum</i>	Perricholi	Cajamarca	Chota	Chota	Colpa tuapampa	38	-6.502861111	-78.598	2779	31/03/2016
221	PER-1441	PCA36F	<i>S. tuberosum</i>	Perricholi	Cajamarca	Chota	Chota	Colpa tuapampa	38	-6.502861111	-78.598	2779	31/03/2016
222	PER-1442	PCA37F	<i>S. tuberosum</i>	Perricholi	Cajamarca	Chota	Chota	Colpa tuapampa	38	-6.502861111	-78.598	2779	31/03/2016
223	PER-1443	PCA38F	<i>S. tuberosum</i>	Perricholi	Cajamarca	Chota	Chota	Colpa tuapampa	38	-6.502861111	-78.598	2779	31/03/2016
224	PER-1444	PCA39F	<i>S. tuberosum</i>	Perricholi	Cajamarca	Chota	Chota	Colpa tuapampa	38	-6.502861111	-78.598	2779	31/03/2016
225	PER-1445	PCA40F	<i>S. tuberosum</i>	Perricholi	Cajamarca	Chota	Chota	Colpa tuapampa	38	-6.502861111	-78.598	2779	31/03/2016
226	PER-1446	PCA41F	<i>S. tuberosum</i>	Perricholi	Cajamarca	Chota	Chota	Colpa tuapampa	38	-6.502861111	-78.598	2779	31/03/2016
227	PER-1459	PCAPO58-1F	<i>S. tuberosum</i>	Unica	Cajamarca	Cutervo	Cutervo	Cargacruz	39	-6.459444444	-78.80488889	2806	31/03/2016
228	PER-1460	PCAPO58-2F	<i>S. tuberosum</i>	Unica	Cajamarca	Cutervo	Cutervo	Cargacruz	39	-6.459444444	-78.80488889	2806	31/03/2016
229	PER-1461	PCAPO58-3F	<i>S. tuberosum</i>	Unica	Cajamarca	Cutervo	Cutervo	Cargacruz	39	-6.459444444	-78.80488889	2806	31/03/2016
230	PER-1462	PCAPO58-4F	<i>S. tuberosum</i>	Unica	Cajamarca	Cutervo	Cutervo	Cargacruz	39	-6.459444444	-78.80488889	2806	31/03/2016
231	PER-1463	PCAPO58-5F	<i>S. tuberosum</i>	Unica	Cajamarca	Cutervo	Cutervo	Cargacruz	39	-6.459444444	-78.80488889	2806	31/03/2016
232	PER-1464	PCAPO58-6F	<i>S. tuberosum</i>	Unica	Cajamarca	Cutervo	Cutervo	Cargacruz	39	-6.459444444	-78.80488889	2806	31/03/2016
233	PER-1465	PCAPO58-7F	<i>S. tuberosum</i>	Unica	Cajamarca	Cutervo	Cutervo	Cargacruz	39	-6.459444444	-78.80488889	2806	31/03/2016
234	PER-1466	PCAPO58-8F	<i>S. tuberosum</i>	Unica	Cajamarca	Cutervo	Cutervo	Cargacruz	39	-6.459444444	-78.80488889	2806	31/03/2016
235	PER-1467	PCAP62-1F	<i>S. tuberosum</i>	Unica	Cajamarca	Cutervo	Cutervo	Cargacruz	39	-6.459444444	-78.80488889	2806	31/03/2016
236	PER-1468	PCAP62-2F	<i>S. tuberosum</i>	Unica	Cajamarca	Cutervo	Cutervo	Cargacruz	39	-6.459444444	-78.80488889	2806	31/03/2016
237	PER-1469	PCAP62-3F	<i>S. tuberosum</i>	Unica	Cajamarca	Cutervo	Cutervo	Cargacruz	39	-6.459444444	-78.80488889	2806	31/03/2016
238	PER-1470	PCAP62-4F	<i>S. tuberosum</i>	Unica	Cajamarca	Cutervo	Cutervo	Cargacruz	39	-6.459444444	-78.80488889	2806	31/03/2016
239	PER-1471	PLL61A	<i>S. tuberosum</i>	Amarilis	La Libertad	Sánchez Carrión	Huamachuco	Sanjapampa	90	-7.775777778	-77.99805556	3220	2016
240	PER-1472	PLL1F	<i>S. tuberosum</i>	Amarilis	La Libertad	Sánchez Carrión	Huamachuco	Sanjapampa	90	-7.775777778	-77.99805556	3220	29/03/2016
241	PER-1473	PLL2F	<i>S. tuberosum</i>	Amarilis	La Libertad	Sánchez Carrión	Huamachuco	Sanjapampa	90	-7.775777778	-77.99805556	3220	29/03/2016
242	PER-1474	PLL3F	<i>S. tuberosum</i>	Amarilis	La Libertad	Sánchez Carrión	Huamachuco	Sanjapampa	90	-7.775777778	-77.99805556	3220	29/03/2016
243	PER-1475	PLL4F	<i>S. tuberosum</i>	Amarilis	La Libertad	Sánchez Carrión	Huamachuco	Sanjapampa	90	-7.775777778	-77.99805556	3220	29/03/2016
244	PER-1476	PLL5F	<i>S. tuberosum</i>	Amarilis	La Libertad	Sánchez Carrión	Huamachuco	Sanjapampa	90	-7.775777778	-77.99805556	3220	29/03/2016
245	PER-1477	PLL6F	<i>S. tuberosum</i>	Amarilis	La Libertad	Sánchez Carrión	Huamachuco	Sanjapampa	90	-7.775777778	-77.99805556	3220	29/03/2016
246	PER-1478	PLL7F	<i>S. tuberosum</i>	Amarilis	La Libertad	Sánchez Carrión	Huamachuco	Sanjapampa	90	-7.775777778	-77.99805556	3220	29/03/2016
247	PER-1479	PLL8F	<i>S. tuberosum</i>	Amarilis	La Libertad	Sánchez Carrión	Huamachuco	Sanjapampa	90	-7.775777778	-77.99805556	3220	29/03/2016
248	PER-1480	PLL9F	<i>S. tuberosum</i>	Amarilis	La Libertad	Sánchez Carrión	Huamachuco	Sanjapampa	90	-7.775777778	-77.99805556	3220	29/03/2016
249	PER-1481	PLL10F	<i>S. tuberosum</i>	Amarilis	La Libertad	Sánchez Carrión	Huamachuco	Sanjapampa	90	-7.775777778	-77.99805556	3220	29/03/2016
250	PER-1482	PLL11F	<i>S. tuberosum</i>	Amarilis	La Libertad	Sánchez Carrión	Huamachuco	Sanjapampa	90	-7.775777778	-77.99805556	3220	29/03/2016
251	PER-1483	PLL62A	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	La Libertad	Sánchez Carrión	Huamachuco	Alto el frío	91	-7.735619	-78.162295	3356	2016

N°	Código CIP	Muestra	Hospedero	Cultivar/Variiedad	Departamento	Provincia	Distrito	Centro Poblado	Campo	Latitud (Norte-Sur)	Longitud (Este-Oeste)	Altitud (m)	Fecha de colecta
252	PER-1484	PLL63A	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	La Libertad	Sánchez Carrión	Huamachuco	Alto el frío	91	-7.735619	-78.162295	3356	2016
253	PER-1485	PLL12F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	La Libertad	Sánchez Carrión	Huamachuco	Alto el frío	91	-7.735619	-78.162295	3356	29/03/2016
254	PER-1486	PLL13F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	La Libertad	Sánchez Carrión	Huamachuco	Alto el frío	91	-7.735619	-78.162295	3356	29/03/2016
255	PER-1487	PLL14F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	La Libertad	Sánchez Carrión	Huamachuco	Alto el frío	91	-7.735619	-78.162295	3356	29/03/2016
256	PER-1488	PLL15F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	La Libertad	Sánchez Carrión	Huamachuco	Alto el frío	91	-7.735619	-78.162295	3356	29/03/2016
257	PER-1489	PLL16F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	La Libertad	Sánchez Carrión	Huamachuco	Alto el frío	91	-7.735619	-78.162295	3356	29/03/2016
258	PER-1490	PLL64A	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	La Libertad	Sánchez Carrión	Huamachuco	El Suro	92	-7.76219444	-77.98780556	3382	2016
259	PER-1491	PLL65A	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	La Libertad	Sánchez Carrión	Huamachuco	El Suro	92	-7.76219444	-77.98780556	3382	2016
260	PER-1492	PLL66A	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	La Libertad	Sánchez Carrión	Huamachuco	El Suro	92	-7.76219444	-77.98780556	3382	2016
261	PER-1493	PLL67A	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	La Libertad	Sánchez Carrión	Huamachuco	El Suro	92	-7.76219444	-77.98780556	3382	2016
262	PER-1494	PLL17F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	La Libertad	Sánchez Carrión	Huamachuco	El Suro	92	-7.76219444	-77.98780556	3382	29/03/2016
263	PER-1495	PLL18F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	La Libertad	Sánchez Carrión	Huamachuco	El Suro	92	-7.76219444	-77.98780556	3382	29/03/2016
264	PER-1496	PLL19F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	La Libertad	Sánchez Carrión	Huamachuco	El Suro	92	-7.76219444	-77.98780556	3382	29/03/2016
265	PER-1497	PLL20F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	La Libertad	Sánchez Carrión	Huamachuco	El Suro	92	-7.76219444	-77.98780556	3382	29/03/2016
266	PER-1498	PLL21F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	La Libertad	Sánchez Carrión	Huamachuco	El Suro	92	-7.76219444	-77.98780556	3382	29/03/2016
267	PER-1499	PLL23F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	La Libertad	Sánchez Carrión	Huamachuco	El Suro	92	-7.76219444	-77.98780556	3382	29/03/2016
268	PER-1500	PLL24F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	La Libertad	Sánchez Carrión	Huamachuco	El Suro	92	-7.76219444	-77.98780556	3382	29/03/2016
269	PER-1501	PLL25F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	La Libertad	Sánchez Carrión	Huamachuco	El Suro	92	-7.76219444	-77.98780556	3382	29/03/2016
270	PER-1502	PLL26F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	La Libertad	Sánchez Carrión	Huamachuco	El Suro	92	-7.76219444	-77.98780556	3382	29/03/2016
271	PER-1503	PPI66A	<i>S. tuberosum</i>	Mezcla	Piura	Huancabamba	Huancabamba	Huancabamba	94	-5.27525	-79.43863889	1844	4/04/2016
272	PER-1504	PPI149F	<i>S. tuberosum</i>	Amarilis	Piura	Huancabamba	Huancabamba	Quispe bajo	101	-5.188583333	-79.4725	2378	4/05/2016
273	PER-1505	PPI81A	<i>S. tuberosum</i>	Amarilis	Piura	Huancabamba	Huancabamba	Jacocha	100	-5.18375	-79.55230556	3212	4/04/2016
274	PER-1506	PPI82A	<i>S. tuberosum</i>	Amarilis	Piura	Huancabamba	Huancabamba	Jacocha	100	-5.18375	-79.55230556	3212	4/04/2016
275	PER-1507	PPI182F	<i>S. tuberosum</i>	Amarilis	Piura	Huancabamba	Huancabamba	Jacocha	100	-5.18375	-79.55230556	3212	4/05/2016
276	PER-1508	PPI183F	<i>S. tuberosum</i>	Amarilis	Piura	Huancabamba	Huancabamba	Jacocha	100	-5.18375	-79.55230556	3212	4/05/2016
277	PER-1509	PPI185F	<i>S. tuberosum</i>	Amarilis	Piura	Huancabamba	Huancabamba	Jacocha	100	-5.18375	-79.55230556	3212	4/05/2016
278	PER-1510	PPI186F	<i>S. tuberosum</i>	Amarilis	Piura	Huancabamba	Huancabamba	Jacocha	100	-5.18375	-79.55230556	3212	4/05/2016
279	PER-1511	PPI187F	<i>S. tuberosum</i>	Amarilis	Piura	Huancabamba	Huancabamba	Jacocha	100	-5.18375	-79.55230556	3212	4/05/2016
280	PER-1512	PPI67A	<i>S. tuberosum</i>	Amarilis	Piura	Huancabamba	Huancabamba	Jacocha	95	-5.189805556	-79.53355556	2911	4/04/2016
281	PER-1513	PPI188F	<i>S. tuberosum</i>	Amarilis	Piura	Huancabamba	Huancabamba	Jacocha	95	-5.189805556	-79.53355556	2911	4/05/2016
282	PER-1514	PPI189F	<i>S. tuberosum</i>	Amarilis	Piura	Huancabamba	Huancabamba	Jacocha	95	-5.189805556	-79.53355556	2911	4/05/2016
283	PER-1515	PPI190F	<i>S. tuberosum</i>	Amarilis	Piura	Huancabamba	Huancabamba	Jacocha	95	-5.189805556	-79.53355556	2911	4/05/2016
284	PER-1516	PPI191F	<i>S. tuberosum</i>	Amarilis	Piura	Huancabamba	Huancabamba	Jacocha	95	-5.189805556	-79.53355556	2911	4/05/2016
285	PER-1517	PPI70A	<i>S. tuberosum</i>	Amarilis	Piura	Huancabamba	Huancabamba	Jacocha	98	-5.196972222	-79.53088889	2957	4/04/2016
286	PER-1518	PPI192F	<i>S. tuberosum</i>	Amarilis	Piura	Huancabamba	Huancabamba	Jacocha	98	-5.196972222	-79.53088889	2957	4/05/2016
287	PER-1519	PPI193F	<i>S. tuberosum</i>	Amarilis	Piura	Huancabamba	Huancabamba	Jacocha	98	-5.196972222	-79.53088889	2957	4/05/2016
288	PER-1520	PPI194F	<i>S. tuberosum</i>	Amarilis	Piura	Huancabamba	Huancabamba	Jacocha	98	-5.196972222	-79.53088889	2957	4/05/2016
289	PER-1521	PPI195F	<i>S. tuberosum</i>	Amarilis	Piura	Huancabamba	Huancabamba	Jacocha	98	-5.196972222	-79.53088889	2957	4/05/2016
290	PER-1522	PPI196F	<i>S. tuberosum</i>	Amarilis	Piura	Huancabamba	Huancabamba	Jacocha	104	-5.197111111	-79.53155556	2941	4/05/2016
291	PER-1523	PPI197F	<i>S. tuberosum</i>	Amarilis	Piura	Huancabamba	Huancabamba	Jacocha	104	-5.197111111	-79.53155556	2941	4/05/2016
292	PER-1524	PPI198F	<i>S. tuberosum</i>	Amarilis	Piura	Huancabamba	Huancabamba	Jacocha	104	-5.197111111	-79.53155556	2941	4/05/2016
293	PER-1525	PPI68A	<i>S. tuberosum</i>	Amarilis	Piura	Huancabamba	Huancabamba	El Espino	96	-5.164722222	-79.53558333	2888	4/04/2016

N°	Código CIP	Muestra	Hospedero	Cultivar/Varietal	Departamento	Provincia	Distrito	Centro Poblado	Campo	Latitud (Norte-Sur)	Longitud (Este-Oeste)	Altitud (m)	Fecha de colecta
294	PER-1526	PPI77A	<i>S. tuberosum</i>	Amarilis	Piura	Huancabamba	Huancabamba	El Espino	96	-5.164722222	-79.53558333	2888	4/04/2016
295	PER-1527	PPI166F	<i>S. tuberosum</i>	Amarilis	Piura	Huancabamba	Huancabamba	El Espino	96	-5.164722222	-79.53558333	2888	4/05/2016
296	PER-1528	PPI167F	<i>S. tuberosum</i>	Amarilis	Piura	Huancabamba	Huancabamba	El Espino	96	-5.164722222	-79.53558333	2888	4/05/2016
297	PER-1529	PPI168F	<i>S. tuberosum</i>	Amarilis	Piura	Huancabamba	Huancabamba	El Espino	96	-5.164722222	-79.53558333	2888	4/05/2016
298	PER-1530	PPI169F	<i>S. tuberosum</i>	Amarilis	Piura	Huancabamba	Huancabamba	El Espino	96	-5.164722222	-79.53558333	2888	4/05/2016
299	PER-1533	PPI154F	<i>S. chaucha</i>	Huayro blanco	Piura	Huancabamba	Huancabamba	Jicate	102	-5.177	-79.50730556	2847	4/05/2016
300	PER-1534	PPI155F	<i>S. chaucha</i>	Huayro blanco	Piura	Huancabamba	Huancabamba	Jicate	102	-5.177	-79.50730556	2847	4/05/2016
301	PER-1535	PPI156F	<i>S. chaucha</i>	Huayro blanco	Piura	Huancabamba	Huancabamba	Jicate	102	-5.177	-79.50730556	2847	4/05/2016
302	PER-1536	PPI157F	<i>S. chaucha</i>	Huayro blanco	Piura	Huancabamba	Huancabamba	Jicate	102	-5.177	-79.50730556	2847	4/05/2016
303	PER-1537	PPI158F	<i>S. chaucha</i>	Huayro blanco	Piura	Huancabamba	Huancabamba	Jicate	102	-5.177	-79.50730556	2847	4/05/2016
304	PER-1538	PPI159F	<i>S. chaucha</i>	Huayro blanco	Piura	Huancabamba	Huancabamba	Jicate	102	-5.177	-79.50730556	2847	4/05/2016
305	PER-1539	PPI160F	<i>S. tuberosum</i>	Amarilis	Piura	Huancabamba	Huancabamba	Jicate	103	-5.18	-79.50533333	2759	4/05/2016
306	PER-1540	PPI161F	<i>S. tuberosum</i>	Amarilis	Piura	Huancabamba	Huancabamba	Jicate	103	-5.18	-79.50533333	2759	4/05/2016
307	PER-1541	PPI163F	<i>S. tuberosum</i>	Amarilis	Piura	Huancabamba	Huancabamba	Jicate	103	-5.18	-79.50533333	2759	4/05/2016
308	PER-1542	PPI75A	<i>S. tuberosum</i>	Amarilis	Piura	Huancabamba	Huancabamba	Quispe bajo	99	-5.186388889	-79.48377778	2550	4/04/2016
309	PER-1543	PPI69A	<i>S. tuberosum</i>	Amarilis	Piura	Huancabamba	Huancabamba	Huancacarpa bajo	97	-5.143444444	-79.54263889	3168	4/04/2016
310	PER-1546	PPI78A	<i>S. tuberosum</i>	Amarilis	Piura	Huancabamba	Huancabamba	Huancacarpa bajo	97	-5.143444444	-79.54263889	3168	4/04/2016
311	PER-1547	PPI80A	<i>S. tuberosum</i>	Amarilis	Piura	Huancabamba	Huancabamba	Huancacarpa bajo	97	-5.143444444	-79.54263889	3168	4/04/2016
312	PER-1548	PPI172F	<i>S. tuberosum</i>	Amarilis	Piura	Huancabamba	Huancabamba	Huancacarpa bajo	97	-5.143444444	-79.54263889	3168	4/05/2016
313	PER-1549	PPI173F	<i>S. tuberosum</i>	Amarilis	Piura	Huancabamba	Huancabamba	Huancacarpa bajo	97	-5.143444444	-79.54263889	3168	4/05/2016
314	PER-1550	PPI174F	<i>S. tuberosum</i>	Amarilis	Piura	Huancabamba	Huancabamba	Huancacarpa bajo	97	-5.143444444	-79.54263889	3168	4/05/2016
315	PER-1551	PPI175F	<i>S. tuberosum</i>	Amarilis	Piura	Huancabamba	Huancabamba	Huancacarpa bajo	97	-5.143444444	-79.54263889	3168	4/05/2016
316	PER-1552	PPI176F	<i>S. tuberosum</i>	Amarilis	Piura	Huancabamba	Huancabamba	Huancacarpa bajo	97	-5.143444444	-79.54263889	3168	4/05/2016
317	PER-1553	PPI177F	<i>S. tuberosum</i>	Amarilis	Piura	Huancabamba	Huancabamba	Huancacarpa bajo	97	-5.143444444	-79.54263889	3168	4/05/2016
318	PER-1554	PPI178F	<i>S. tuberosum</i>	Amarilis	Piura	Huancabamba	Huancabamba	Huancacarpa bajo	97	-5.143444444	-79.54263889	3168	4/05/2016
319	PER-1555	PPI179F	<i>S. tuberosum</i>	Amarilis	Piura	Huancabamba	Huancabamba	Huancacarpa bajo	97	-5.143444444	-79.54263889	3168	4/05/2016
320	PER-1556	PPI180F	<i>S. tuberosum</i>	Amarilis	Piura	Huancabamba	Huancabamba	Huancacarpa bajo	97	-5.143444444	-79.54263889	3168	4/05/2016
321	PER-1557	PHCA71A	<i>S. stenotomum</i>	Yurac tumbay	Huancavelica	Huancavelica	Yauli	Cañaypata	51	-12.717398	-74.769709	4013	6/04/2016
322	PER-1558	PHCA72A	<i>S. stenotomum</i>	Yurac tumbay	Huancavelica	Huancavelica	Yauli	Cañaypata	51	-12.717398	-74.769709	4013	6/04/2016
323	PER-1559	PHCA73A	<i>S. stenotomum</i>	Yurac tumbay	Huancavelica	Huancavelica	Yauli	Cañaypata	51	-12.717398	-74.769709	4013	6/04/2016
324	PER-1560	PHCA75A	<i>S. stenotomum</i>	Yurac tumbay	Huancavelica	Huancavelica	Yauli	Cañaypata	51	-12.717398	-74.769709	4013	6/04/2016
325	PER-1561	PHCA76A	<i>S. stenotomum</i>	Yurac tumbay	Huancavelica	Huancavelica	Yauli	Cañaypata	51	-12.717398	-74.769709	4013	6/04/2016
326	PER-1562	PHCA77A	<i>S. stenotomum</i>	Yurac tumbay	Huancavelica	Huancavelica	Yauli	Cañaypata	51	-12.717398	-74.769709	4013	6/04/2016
327	PER-1563	PHCA1F	<i>S. stenotomum</i>	Yurac tumbay	Huancavelica	Huancavelica	Yauli	Cañaypata	51	-12.717398	-74.769709	4013	6/04/2016
328	PER-1564	PHCA2F	<i>S. stenotomum</i>	Yurac tumbay	Huancavelica	Huancavelica	Yauli	Cañaypata	51	-12.717398	-74.769709	4013	6/04/2016
329	PER-1565	PHCA3F	<i>S. stenotomum</i>	Yurac tumbay	Huancavelica	Huancavelica	Yauli	Cañaypata	51	-12.717398	-74.769709	4013	6/04/2016
330	PER-1566	PHCA4F	<i>S. stenotomum</i>	Yurac tumbay	Huancavelica	Huancavelica	Yauli	Cañaypata	51	-12.717398	-74.769709	4013	6/04/2016
331	PER-1567	PHCA5F	<i>S. stenotomum</i>	Yurac tumbay	Huancavelica	Huancavelica	Yauli	Cañaypata	51	-12.717398	-74.769709	4013	6/04/2016
332	PER-1568	PHCA6F	<i>S. stenotomum</i>	Yurac tumbay	Huancavelica	Huancavelica	Yauli	Cañaypata	51	-12.717398	-74.769709	4013	6/04/2016
333	PER-1569	PHCA7F	<i>S. stenotomum</i>	Yurac tumbay	Huancavelica	Huancavelica	Yauli	Cañaypata	51	-12.717398	-74.769709	4013	6/04/2016
334	PER-1570	PHCA8F	<i>S. stenotomum</i>	Yurac tumbay	Huancavelica	Huancavelica	Yauli	Cañaypata	51	-12.717398	-74.769709	4013	6/04/2016
335	PER-1571	PHCA9F	<i>S. stenotomum</i>	Yurac tumbay	Huancavelica	Huancavelica	Yauli	Cañaypata	51	-12.717398	-74.769709	4013	6/04/2016

N°	Código CIP	Muestra	Hospedero	Cultivar/Variiedad	Departamento	Provincia	Distrito	Centro Poblado	Campo	Latitud (Norte-Sur)	Longitud (Este-Oeste)	Altitud (m)	Fecha de colecta
336	PER-1572	PHCA10F	<i>S. stenotomum</i>	Yurac tumbay	Huancavelica	Huancavelica	Yauli	Cañaypata	51	-12.717398	-74.769709	4013	6/04/2016
337	PER-1573	PHCA11F	<i>S. stenotomum</i>	Yurac tumbay	Huancavelica	Huancavelica	Yauli	Cañaypata	51	-12.717398	-74.769709	4013	6/04/2016
338	PER-1574	PHCA78A	<i>S. stenotomum</i>	Yurac tumbay	Huancavelica	Huancavelica	Yauli	Cañaypata	52	-12.737156	-74.786532	4018	6/04/2016
339	PER-1575	PHCA79A	<i>S. stenotomum</i>	Yurac tumbay	Huancavelica	Huancavelica	Yauli	Cañaypata	52	-12.737156	-74.786532	4018	6/04/2016
340	PER-1576	PHCA80A	<i>S. stenotomum</i>	Yurac tumbay	Huancavelica	Huancavelica	Yauli	Cañaypata	52	-12.737156	-74.786532	4018	6/04/2016
341	PER-1577	PHCA81A	<i>S. stenotomum</i>	Yurac tumbay	Huancavelica	Huancavelica	Yauli	Cañaypata	52	-12.737156	-74.786532	4018	6/04/2016
342	PER-1578	PHCA12F	<i>S. stenotomum</i>	Yurac tumbay	Huancavelica	Huancavelica	Yauli	Cañaypata	52	-12.737156	-74.786532	4018	6/04/2016
343	PER-1579	PHCA13F	<i>S. stenotomum</i>	Yurac tumbay	Huancavelica	Huancavelica	Yauli	Cañaypata	52	-12.737156	-74.786532	4018	6/04/2016
344	PER-1580	PHCA14F	<i>S. stenotomum</i>	Yurac tumbay	Huancavelica	Huancavelica	Yauli	Cañaypata	52	-12.737156	-74.786532	4018	6/04/2016
345	PER-1581	PHCA15F	<i>S. stenotomum</i>	Yurac tumbay	Huancavelica	Huancavelica	Yauli	Cañaypata	52	-12.737156	-74.786532	4018	6/04/2016
346	PER-1582	PHCA16F	<i>S. stenotomum</i>	Yurac tumbay	Huancavelica	Huancavelica	Yauli	Cañaypata	52	-12.737156	-74.786532	4018	6/04/2016
347	PER-1583	PHCA17F	<i>S. stenotomum</i>	Yurac tumbay	Huancavelica	Huancavelica	Yauli	Cañaypata	52	-12.737156	-74.786532	4018	6/04/2016
348	PER-1584	PHCA18F	<i>S. stenotomum</i>	Yurac tumbay	Huancavelica	Huancavelica	Yauli	Cañaypata	52	-12.737156	-74.786532	4018	6/04/2016
349	PER-1585	PHCA19F	<i>S. stenotomum</i>	Yurac tumbay	Huancavelica	Huancavelica	Yauli	Cañaypata	52	-12.737156	-74.786532	4018	6/04/2016
350	PER-1586	PHCA20F	<i>S. stenotomum</i>	Yurac tumbay	Huancavelica	Huancavelica	Yauli	Cañaypata	52	-12.737156	-74.786532	4018	6/04/2016
351	PER-1587	PHCA21F	<i>S. stenotomum</i>	Yurac tumbay	Huancavelica	Huancavelica	Yauli	Cañaypata	52	-12.737156	-74.786532	4018	6/04/2016
352	PER-1588	PHCA82A	<i>S. stenotomum</i>	Yurac tumbay	Huancavelica	Huancavelica	Yauli	Cañaypata	53	-12.75733333	-74.81111111	4032	6/04/2016
353	PER-1589	PHCA83A	<i>S. stenotomum</i>	Yurac tumbay	Huancavelica	Huancavelica	Yauli	Cañaypata	53	-12.75733333	-74.81111111	4032	6/04/2016
354	PER-1590	PHCA84A	<i>S. stenotomum</i>	Yurac tumbay	Huancavelica	Huancavelica	Yauli	Cañaypata	53	-12.75733333	-74.81111111	4032	6/04/2016
355	PER-1591	PHCA85A	<i>S. stenotomum</i>	Yurac tumbay	Huancavelica	Huancavelica	Yauli	Cañaypata	53	-12.75733333	-74.81111111	4032	6/04/2016
356	PER-1592	PHCA86A	<i>S. stenotomum</i>	Yurac tumbay	Huancavelica	Huancavelica	Yauli	Cañaypata	53	-12.75733333	-74.81111111	4032	6/04/2016
357	PER-1593	PHCA22F	<i>S. stenotomum</i>		Huancavelica	Huancavelica	Yauli	Cañaypata	53	-12.75733333	-74.81111111	4032	6/04/2016
358	PER-1594	PHCA23F	<i>S. stenotomum</i>		Huancavelica	Huancavelica	Yauli	Cañaypata	53	-12.75733333	-74.81111111	4032	6/04/2016
359	PER-1595	PHCA24F	<i>S. stenotomum</i>		Huancavelica	Huancavelica	Yauli	Cañaypata	53	-12.75733333	-74.81111111	4032	6/04/2016
360	PER-1596	PHCA25F	<i>S. stenotomum</i>		Huancavelica	Huancavelica	Yauli	Cañaypata	53	-12.75733333	-74.81111111	4032	6/04/2016
361	PER-1597	PHCA26F	<i>S. stenotomum</i>		Huancavelica	Huancavelica	Yauli	Cañaypata	53	-12.75733333	-74.81111111	4032	6/04/2016
362	PER-1598	PHCA27F	<i>S. stenotomum</i>		Huancavelica	Huancavelica	Yauli	Cañaypata	53	-12.75733333	-74.81111111	4032	6/04/2016
363	PER-1599	PHCA28F	<i>S. stenotomum</i>		Huancavelica	Huancavelica	Yauli	Cañaypata	53	-12.75733333	-74.81111111	4032	6/04/2016
364	PER-1600	PHCA87A	<i>S. tuberosum</i>		Huancavelica	Huancavelica	Yauli	10 km de Yauli, Haylarajra	54	-12.77580556	-74.91947222	3607	6/04/2016
365	PER-1601	PHCA88A	<i>S. tuberosum</i>		Huancavelica	Huancavelica	Yauli	10 km de Yauli, Haylarajra	54	-12.77580556	-74.91947222	3607	6/04/2016
366	PER-1602	PHCA89A	<i>S. tuberosum</i>		Huancavelica	Huancavelica	Yauli	10 km de Yauli, Haylarajra	54	-12.77580556	-74.91947222	3607	6/04/2016
367	PER-1603	PHCA90A	<i>S. tuberosum</i>		Huancavelica	Huancavelica	Yauli	10 km de Yauli, Haylarajra	54	-12.77580556	-74.91947222	3607	6/04/2016
368	PER-1604	PHCA91A	<i>S. tuberosum</i>		Huancavelica	Huancavelica	Yauli	10 km de Yauli, Haylarajra	54	-12.77580556	-74.91947222	3607	6/04/2016
369	PER-1605	PHCA92A	<i>S. tuberosum</i>		Huancavelica	Huancavelica	Yauli	10 km de Yauli, Haylarajra	54	-12.77580556	-74.91947222	3607	6/04/2016
370	PER-1606	PHCA29F	<i>S. tuberosum</i>		Huancavelica	Huancavelica	Yauli	10 km de Yauli, Haylarajra	54	-12.77580556	-74.91947222	3607	6/04/2016
371	PER-1607	PHCA30F	<i>S. tuberosum</i>		Huancavelica	Huancavelica	Yauli	10 km de Yauli, Haylarajra	54	-12.77580556	-74.91947222	3607	6/04/2016
372	PER-1608	PHCA31F	<i>S. tuberosum</i>		Huancavelica	Huancavelica	Yauli	10 km de Yauli, Haylarajra	54	-12.77580556	-74.91947222	3607	6/04/2016
373	PER-1609	PHCA32F	<i>S. tuberosum</i>		Huancavelica	Huancavelica	Yauli	10 km de Yauli, Haylarajra	54	-12.77580556	-74.91947222	3607	6/04/2016
374	PER-1610	PHCA33F	<i>S. tuberosum</i>		Huancavelica	Huancavelica	Yauli	10 km de Yauli, Haylarajra	54	-12.77580556	-74.91947222	3607	6/04/2016
375	PER-1611	PHCA34F	<i>S. tuberosum</i>		Huancavelica	Huancavelica	Yauli	10 km de Yauli, Haylarajra	54	-12.77580556	-74.91947222	3607	6/04/2016
376	PER-1612	PHCA35F	<i>S. tuberosum</i>		Huancavelica	Huancavelica	Yauli	10 km de Yauli, Haylarajra	54	-12.77580556	-74.91947222	3607	6/04/2016
377	PER-1613	PHCA36F	<i>S. tuberosum</i>		Huancavelica	Huancavelica	Yauli	10 km de Yauli, Haylarajra	54	-12.77580556	-74.91947222	3607	6/04/2016

N°	Código CIP	Muestra	Hospedero	Cultivar/Variiedad	Departamento	Provincia	Distrito	Centro Poblado	Campo	Latitud (Norte-Sur)	Longitud (Este-Oeste)	Altitud (m)	Fecha de colecta
378	PER-1614	PHCA37F	<i>S. tuberosum</i>		Huancavelica	Huancavelica	Yauli	10 km de Yauli, Haylarajra	54	-12.77580556	-74.91947222	3607	6/04/2016
379	PER-1615	PHCA93A	<i>S. tuberosum</i>		Huancavelica	Huancavelica	Yauli	Ruta a Acobamba	56	-12.81222222	-74.81411111	4078	6/04/2016
380	PER-1616	PHCA94A	<i>S. tuberosum</i>		Huancavelica	Huancavelica	Yauli	Ruta a Acobamba	56	-12.81222222	-74.81411111	4078	6/04/2016
381	PER-1617	PHCA38F	<i>S. tuberosum</i>		Huancavelica	Huancavelica	Yauli	Ruta a Acobamba	56	-12.81222222	-74.81411111	4078	6/04/2016
382	PER-1618	PHCA39F	<i>S. tuberosum</i>		Huancavelica	Huancavelica	Yauli	Ruta a Acobamba	56	-12.81222222	-74.81411111	4078	7/04/2016
383	PER-1619	PHCA40F	<i>S. tuberosum</i>		Huancavelica	Huancavelica	Yauli	Ruta a Acobamba	56	-12.81222222	-74.81411111	4078	7/04/2016
384	PER-1620	PHCA41F	<i>S. tuberosum</i>		Huancavelica	Huancavelica	Yauli	Ruta a Acobamba	56	-12.81222222	-74.81411111	4078	7/04/2016
385	PER-1621	PHCA42F	<i>S. tuberosum</i>		Huancavelica	Huancavelica	Yauli	Ruta a Acobamba	56	-12.81222222	-74.81411111	4078	7/04/2016
386	PER-1622	PHCA95A	<i>S. chaucha</i>	Puca Huayro	Huancavelica	Huancavelica	Yauli	Tacsana	57	-12.77555556	-74.83825	3986	6/04/2016
387	PER-1623	PHCA96A	<i>S. chaucha</i>	Puca Huayro	Huancavelica	Huancavelica	Yauli	Tacsana	57	-12.77555556	-74.83825	3986	6/04/2016
388	PER-1624	PHCA97A	<i>S. chaucha</i>	Puca Huayro	Huancavelica	Huancavelica	Yauli	Tacsana	57	-12.77555556	-74.83825	3986	6/04/2016
389	PER-1625	PHCA98A	<i>S. chaucha</i>	Puca Huayro	Huancavelica	Huancavelica	Yauli	Tacsana	57	-12.77555556	-74.83825	3986	6/04/2016
390	PER-1626	PHCA99A	<i>S. chaucha</i>	Puca Huayro	Huancavelica	Huancavelica	Yauli	Tacsana	57	-12.77555556	-74.83825	3986	6/04/2016
391	PER-1627	PHCA43F	<i>S. chaucha</i>	Puca Huayro	Huancavelica	Huancavelica	Yauli	Tacsana	57	-12.77555556	-74.83825	3986	7/04/2016
392	PER-1628	PHCA44F	<i>S. chaucha</i>	Puca Huayro	Huancavelica	Huancavelica	Yauli	Tacsana	57	-12.77555556	-74.83825	3986	7/04/2016
393	PER-1629	PHCA45F	<i>S. chaucha</i>	Puca Huayro	Huancavelica	Huancavelica	Yauli	Tacsana	57	-12.77555556	-74.83825	3986	7/04/2016
394	PER-1630	PHCA45bF	<i>S. chaucha</i>	Puca Huayro	Huancavelica	Huancavelica	Yauli	Tacsana	57	-12.77555556	-74.83825	3986	7/04/2016
395	PER-1631	PHCA46F	<i>S. chaucha</i>	Puca Huayro	Huancavelica	Huancavelica	Yauli	Tacsana	57	-12.77555556	-74.83825	3986	7/04/2016
396	PER-1632	PHCA47F	<i>S. chaucha</i>	Puca Huayro	Huancavelica	Huancavelica	Yauli	Tacsana	57	-12.77555556	-74.83825	3986	7/04/2016
397	PER-1633	PHCA48F	<i>S. chaucha</i>	Puca Huayro	Huancavelica	Huancavelica	Yauli	Tacsana	57	-12.77555556	-74.83825	3986	7/04/2016
398	PER-1634	PHCA49F	<i>S. chaucha</i>	Puca Huayro	Huancavelica	Huancavelica	Yauli	Tacsana	57	-12.77555556	-74.83825	3986	7/04/2016
399	PER-1635	PHCA50F	<i>S. chaucha</i>	Puca Huayro	Huancavelica	Huancavelica	Yauli	Tacsana	57	-12.77555556	-74.83825	3986	7/04/2016
400	PER-1636	PHCA51F	<i>S. chaucha</i>	Puca Huayro	Huancavelica	Huancavelica	Yauli	Tacsana	57	-12.77555556	-74.83825	3986	7/04/2016
401	PER-1637	PHCA100A	<i>S. goniocalyx</i>	Camotillo	Huancavelica	Huancavelica	Yauli	Tacsana	13	-12.77555556	-74.83825	3789	6/04/2016
402	PER-1638	PHCA101A	<i>S. goniocalyx</i>	Camotillo	Huancavelica	Huancavelica	Yauli	Tacsana	13	-12.77555556	-74.83825	3789	6/04/2016
403	PER-1639	PHCA102A	<i>S. goniocalyx</i>	Camotillo	Huancavelica	Huancavelica	Yauli	Tacsana	13	-12.77555556	-74.83825	3789	6/04/2016
404	PER-1640	PHCA103A	<i>S. goniocalyx</i>	Camotillo	Huancavelica	Huancavelica	Yauli	Tacsana	13	-12.77555556	-74.83825	3789	6/04/2016
405	PER-1641	PHCA52F	<i>S. goniocalyx</i>	Camotillo	Huancavelica	Huancavelica	Yauli	Tacsana	13	-12.77555556	-74.83825	3789	7/04/2016
406	PER-1642	PHCA53F	<i>S. goniocalyx</i>	Camotillo	Huancavelica	Huancavelica	Yauli	Tacsana	13	-12.77555556	-74.83825	3789	7/04/2016
407	PER-1643	PHCA54F	<i>S. goniocalyx</i>	Camotillo	Huancavelica	Huancavelica	Yauli	Tacsana	13	-12.77555556	-74.83825	3789	7/04/2016
408	PER-1644	PHCA55F	<i>S. goniocalyx</i>	Camotillo	Huancavelica	Huancavelica	Yauli	Tacsana	13	-12.77555556	-74.83825	3789	7/04/2016
409	PER-1645	PHCA56F	<i>S. goniocalyx</i>	Camotillo	Huancavelica	Huancavelica	Yauli	Tacsana	13	-12.77555556	-74.83825	3789	7/04/2016
410	PER-1646	PHCA105A	<i>S. chaucha</i>	Huayro macho	Huancavelica	Huancavelica	Yauli	Tacsana	57	-12.77555556	-74.83825	3986	6/04/2016
411	PER-1647	PHCA106A	<i>S. chaucha</i>	Huayro macho	Huancavelica	Huancavelica	Yauli	Tacsana	57	-12.77555556	-74.83825	3986	6/04/2016
412	PER-1648	PHCA57F	<i>S. chaucha</i>	Huayro macho	Huancavelica	Huancavelica	Yauli	Tacsana	57	-12.77555556	-74.83825	3986	7/04/2016
413	PER-1649	PHCA58F	<i>S. chaucha</i>	Huayro macho	Huancavelica	Huancavelica	Yauli	Tacsana	57	-12.77555556	-74.83825	3986	7/04/2016
414	PER-1650	PHCA59F	<i>S. chaucha</i>	Huayro macho	Huancavelica	Huancavelica	Yauli	Tacsana	57	-12.77555556	-74.83825	3986	7/04/2016
415	PER-1651	PHCA107A	<i>S. tuberosum</i>	Clon mejorado	Huancavelica	Huancavelica	Yauli	Ambato Centro Yanapai	58	-12.77555556	-74.83825	3848	6/04/2016
416	PER-1652	PHCA108A	<i>S. tuberosum</i>	Clon mejorado	Huancavelica	Huancavelica	Yauli	Ambato Centro Yanapai	58	-12.77555556	-74.83825	3848	6/04/2016
417	PER-1653	PHCA109A	<i>S. goniocalyx</i>	Peruanita	Huancavelica	Huancavelica	Yauli	Ambato Centro Yanapai	58	-12.77555556	-74.83825	3848	6/04/2016
418	PER-1654	PHCA110A	<i>S. goniocalyx</i>	Peruanita	Huancavelica	Huancavelica	Yauli	Ambato Centro Yanapai	58	-12.77555556	-74.83825	3848	6/04/2016
419	PER-1655	PHCA111A	<i>S. tuberosum</i>	Clon mejorado	Huancavelica	Huancavelica	Yauli	Ambato Centro Yanapai	58	-12.75527778	-74.80505556	3848	6/04/2016

N°	Código CIP	Muestra	Hospedero	Cultivar/Varietal	Departamento	Provincia	Distrito	Centro Poblado	Campo	Latitud (Norte-Sur)	Longitud (Este-Oeste)	Altitud (m)	Fecha de colecta
420	PER-1656	PHCA112A	<i>S. tuberosum</i>	Clon mejorado	Huancavelica	Huancavelica	Yauli	Ambato Centro Yanapai	58	-12.75527778	-74.80505556	3848	6/04/2016
421	PER-1657	PHCA114A	<i>S. tuberosum</i>	Clon mejorado	Huancavelica	Huancavelica	Yauli	Ambato Centro Yanapai	58	-12.75527778	-74.80505556	3848	6/04/2016
422	PER-1658	PHCA115A	<i>S. tuberosum</i>	Clon mejorado	Huancavelica	Huancavelica	Yauli	Ambato Centro Yanapai	58	-12.75527778	-74.80505556	3848	6/04/2016
423	PER-1659	PHCA60F	<i>S. tuberosum</i>	Clon mejorado	Huancavelica	Huancavelica	Yauli	Ambato Centro Yanapai	58	-12.77555556	-74.83825	3848	7/04/2016
424	PER-1660	PHCA61F	<i>S. tuberosum</i>	Clon mejorado	Huancavelica	Huancavelica	Yauli	Ambato Centro Yanapai	58	-12.77555556	-74.83825	3848	7/04/2016
425	PER-1661	PHCA62F	<i>S. goniocalyx</i>	Peruanita	Huancavelica	Huancavelica	Yauli	Ambato Centro Yanapai	58	-12.77555556	-74.83825	3848	7/04/2016
426	PER-1662	PHCA63F	<i>S. goniocalyx</i>	Peruanita	Huancavelica	Huancavelica	Yauli	Ambato Centro Yanapai	58	-12.77555556	-74.83825	3848	7/04/2016
427	PER-1663	PHCA64F	<i>S. tuberosum</i>	Clon mejorado	Huancavelica	Huancavelica	Yauli	Ambato Centro Yanapai	58	-12.75527778	-74.80505556	3848	7/04/2016
428	PER-1664	PHCA65F	<i>S. tuberosum</i>	Clon mejorado	Huancavelica	Huancavelica	Yauli	Ambato Centro Yanapai	58	-12.75527778	-74.80505556	3848	7/04/2016
429	PER-1665	PHCA66F	<i>S. tuberosum</i>	Clon mejorado	Huancavelica	Huancavelica	Yauli	Ambato Centro Yanapai	58	-12.75527778	-74.80505556	3848	7/04/2016
430	PER-1666	PHCA67F	<i>S. tuberosum</i>	Clon mejorado	Huancavelica	Huancavelica	Yauli	Ambato Centro Yanapai	58	-12.75527778	-74.80505556	3848	7/04/2016
431	PER-1667	PHCA68F	<i>S. tuberosum</i>	Clon mejorado	Huancavelica	Huancavelica	Yauli	Ambato Centro Yanapai	58	-12.75527778	-74.80505556	3848	7/04/2016
432	PER-1668	PHCA69F	<i>S. tuberosum</i>	Clon mejorado	Huancavelica	Huancavelica	Yauli	Ambato Centro Yanapai	58	-12.75527778	-74.80505556	3848	7/04/2016
433	PER-1669	PHCA70F	<i>S. tuberosum</i>	Clon mejorado	Huancavelica	Huancavelica	Yauli	Ambato Centro Yanapai	58	-12.75527778	-74.80505556	3848	7/04/2016
434	PER-1672	PHCA117A	<i>S. tuberosum</i>	Clon mejorado	Huancavelica	Huancavelica	Acoria	Silva	59	-12.67675	-74.83797222	3782	6/04/2016
435	PER-1673	PHCA118A	<i>S. tuberosum</i>	Clon mejorado	Huancavelica	Huancavelica	Acoria	Silva	59	-12.67675	-74.83797222	3782	6/04/2016
436	PER-1674	PHCA119A	<i>S. tuberosum</i>	Clon mejorado	Huancavelica	Huancavelica	Acoria	Silva	59	-12.67675	-74.83797222	3782	6/04/2016
437	PER-1675	PHCA120A	<i>S. tuberosum</i>	Clon mejorado	Huancavelica	Huancavelica	Acoria	Silva	59	-12.67675	-74.83797222	3782	6/04/2016
438	PER-1676	PHCA72F	<i>S. tuberosum</i>	Clon mejorado	Huancavelica	Huancavelica	Acoria	Silva	59	-12.67675	-74.83797222	3782	7/04/2016
439	PER-1677	PHCA73F	<i>S. tuberosum</i>	Clon mejorado	Huancavelica	Huancavelica	Acoria	Silva	59	-12.67675	-74.83797222	3782	7/04/2016
440	PER-1678	PHCA74F	<i>S. tuberosum</i>	Clon mejorado	Huancavelica	Huancavelica	Acoria	Silva	59	-12.67675	-74.83797222	3782	7/04/2016
441	PER-1679	PHCA75F	<i>S. tuberosum</i>	Clon mejorado	Huancavelica	Huancavelica	Acoria	Silva	59	-12.67675	-74.83797222	3782	7/04/2016
442	PER-1680	PHCA121A	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Huancavelica	Huancavelica	Acoria	Silva	59	-12.67675	-74.83797222	3782	6/04/2016
443	PER-1681	PHCA122A	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Huancavelica	Huancavelica	Acoria	Silva	59	-12.67675	-74.83797222	3782	6/04/2016
444	PER-1682	PHCA125A	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Huancavelica	Huancavelica	Acoria	Silva	59	-12.67675	-74.83797222	3782	6/04/2016
445	PER-1683	PHCA76F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Huancavelica	Huancavelica	Acoria	Silva	59	-12.67675	-74.83797222	3782	7/04/2016
446	PER-1684	PHCA77F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Huancavelica	Huancavelica	Acoria	Silva	59	-12.67675	-74.83797222	3782	7/04/2016
447	PER-1685	PHCA78F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Huancavelica	Huancavelica	Acoria	Silva	59	-12.67675	-74.83797222	3782	7/04/2016
448	PER-1686	PHCA123A	<i>S. tuberosum</i>		Huancavelica	Huancavelica	Yauli	Salida Yauli 10 km Izcuchaca, Huaylaraja	55	-12.77647222	-74.91852778	3613	6/04/2016
449	PER-1689	PAMA6A	<i>S. chaucha</i>	Huayro blanco	Amazonas	Luya	María	María	7	-6.42977778	-77.96863889	2672	4/04/2016
450	PER-1690	PAMA7A	<i>S. chaucha</i>	Huayro blanco	Amazonas	Luya	María	María	7	-6.42977778	-77.96863889	2672	4/04/2016
451	PER-1691	PAMA8A	<i>S. chaucha</i>	Huayro blanco	Amazonas	Luya	María	María	7	-6.42977778	-77.96863889	2672	4/04/2016
452	PER-1692	PAMA9A	<i>S. chaucha</i>	Huayro blanco	Amazonas	Luya	María	María	7	-6.42977778	-77.96863889	2672	4/04/2016
453	PER-1693	PAMA200F	<i>S. chaucha</i>	Huayro blanco	Amazonas	Luya	María	María	7	-6.42977778	-77.96863889	2672	12/04/2016
454	PER-1694	PAMA201F	<i>S. chaucha</i>	Huayro blanco	Amazonas	Luya	María	María	7	-6.42977778	-77.96863889	2672	12/04/2016
455	PER-1695	PAMA202F	<i>S. chaucha</i>	Huayro blanco	Amazonas	Luya	María	María	7	-6.42977778	-77.96863889	2672	12/04/2016
456	PER-1696	PAMA203F	<i>S. chaucha</i>	Huayro blanco	Amazonas	Luya	María	María	7	-6.42977778	-77.96863889	2672	12/04/2016
457	PER-1697	PAMA204F	<i>S. chaucha</i>	Huayro blanco	Amazonas	Luya	María	María	7	-6.42977778	-77.96863889	2672	12/04/2016
458	PER-1698	PAMA216F	<i>S. chaucha</i>	Huayro blanco	Amazonas	Luya	María	María	7	-6.42977778	-77.96863889	2672	12/04/2016
459	PER-1699	PAMA217F	<i>S. chaucha</i>	Huayro blanco	Amazonas	Luya	María	María	7	-6.42977778	-77.96863889	2672	12/04/2016
460	PER-1700	PAMA218F	<i>S. chaucha</i>	Huayro blanco	Amazonas	Luya	María	María	7	-6.42977778	-77.96863889	2672	12/04/2016
461	PER-1701	PAMA219F	<i>S. chaucha</i>	Huayro blanco	Amazonas	Luya	María	María	7	-6.42977778	-77.96863889	2672	12/04/2016

N°	Código CIP	Muestra	Hospedero	Cultivar/Variiedad	Departamento	Provincia	Distrito	Centro Poblado	Campo	Latitud (Norte-Sur)	Longitud (Este-Oeste)	Altitud (m)	Fecha de colecta
462	PER-1702	PAMA10A	<i>S. chaucha</i>	Huayro	Amazonas	Luya	Tingo	Cuchapampa	8	-6.429388889	-77.94175	2915	4/04/2016
463	PER-1703	PAMA11A	<i>S. chaucha</i>	Huayro	Amazonas	Luya	Tingo	Cuchapampa	8	-6.429388889	-77.94175	2915	4/04/2016
464	PER-1704	PAMA12A	<i>S. chaucha</i>	Huayro	Amazonas	Luya	Tingo	Cuchapampa	8	-6.429388889	-77.94175	2915	4/04/2016
465	PER-1705	PAMA13A	<i>S. chaucha</i>	Huayro	Amazonas	Luya	Tingo	Cuchapampa	8	-6.429388889	-77.94175	2915	4/04/2016
466	PER-1706	PAMA205F	<i>S. chaucha</i>	Huayro blanco	Amazonas	Luya	Tingo	Cuchapampa	8	-6.429388889	-77.94175	2915	12/04/2016
467	PER-1707	PAMA206F	<i>S. chaucha</i>	Huayro blanco	Amazonas	Luya	Tingo	Cuchapampa	8	-6.429388889	-77.94175	2915	12/04/2016
468	PER-1708	PAMA207F	<i>S. chaucha</i>	Huayro blanco	Amazonas	Luya	Tingo	Cuchapampa	8	-6.429388889	-77.94175	2915	12/04/2016
469	PER-1709	PAMA208F	<i>S. chaucha</i>	Huayro blanco	Amazonas	Luya	Tingo	Cuchapampa	8	-6.429388889	-77.94175	2915	12/04/2016
470	PER-1710	PAMA209F	<i>S. chaucha</i>	Huayro blanco	Amazonas	Luya	Tingo	Cuchapampa	8	-6.429388889	-77.94175	2915	12/04/2016
471	PER-1711	PAMA210F	<i>S. chaucha</i>	Huayro blanco	Amazonas	Luya	Tingo	Cuchapampa	8	-6.429388889	-77.94175	2915	12/04/2016
472	PER-1712	PAMA211F	<i>S. chaucha</i>	Huayro blanco	Amazonas	Luya	Tingo	Cuchapampa	8	-6.429388889	-77.94175	2915	12/04/2016
473	PER-1713	PAMA212F	<i>S. chaucha</i>	Huayro blanco	Amazonas	Luya	Tingo	Cuchapampa	8	-6.429388889	-77.94175	2915	12/04/2016
474	PER-1714	PAMA220F	<i>S. chaucha</i>	Huayro blanco	Amazonas	Luya	Tingo	Cuchapampa	8	-6.429388889	-77.94175	2915	12/04/2016
475	PER-1715	PAMA221F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Amazonas	Luya	Tingo	Cuchapampa	8	-6.429388889	-77.94175	2915	12/04/2016
476	PER-1716	PAMA222F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Amazonas	Luya	Tingo	Cuchapampa	8	-6.429388889	-77.94175	2915	12/04/2016
477	PER-1717	PAMA223F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Amazonas	Luya	Tingo	Cuchapampa	8	-6.429388889	-77.94175	2915	12/04/2016
478	PER-1718	PAMA224F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Amazonas	Luya	Tingo	Cuchapampa	8	-6.429388889	-77.94175	2915	12/04/2016
479	PER-1719	PAMA16A	<i>S. tuberosum</i>	Amarilis	Amazonas	Luya	Longuita	Choctamal	4	-6.395333333	-77.98441667	2697	4/04/2016
480	PER-1720	PAMA213F	<i>S. tuberosum</i>	Amarilis	Amazonas	Luya	Longuita	Choctamal	4	-6.395333333	-77.98441667	2697	12/04/2016
481	PER-1721	PAMA214F	<i>S. tuberosum</i>	Amarilis	Amazonas	Luya	Longuita	Choctamal	4	-6.395333333	-77.98441667	2697	12/04/2016
482	PER-1722	PAMA215F	<i>S. tuberosum</i>	Amarilis	Amazonas	Luya	Longuita	Choctamal	4	-6.395333333	-77.98441667	2697	12/04/2016
483	PER-1726	PAMA14A	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Amazonas	Luya	Tingo	Kuelap	10	-6.429638889	-77.93513889	2847	4/04/2016
484	PER-1727	PAMA15A	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Amazonas	Luya	Tingo	Kuelap	10	-6.429638889	-77.93513889	2847	4/04/2016
485	PER-1728	PAMA225F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Amazonas	Luya	Tingo	Kuelap	10	-6.429638889	-77.93513889	2847	12/04/2016
486	PER-1729	PAMA226F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Amazonas	Luya	Tingo	Kuelap	10	-6.429638889	-77.93513889	2847	12/04/2016
487	PER-1730	PAMA227F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Amazonas	Luya	Tingo	Kuelap	10	-6.429638889	-77.93513889	2847	12/04/2016
488	PER-1731	PAMA228F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Amazonas	Luya	Tingo	Kuelap	10	-6.429638889	-77.93513889	2847	12/04/2016
489	PER-1732	PAMA17A	<i>S. tuberosum</i>	Amarilis	Amazonas	Luya	Lamud	Lamud	1	-6.10075	-77.94977778	2330	4/04/2016
490	PER-1733	PAMA229F	<i>S. tuberosum</i>	Amarilis	Amazonas	Luya	Lamud	Lamud	1	-6.10075	-77.94977778	2330	12/04/2016
491	PER-1734	PAMA230F	<i>S. tuberosum</i>	Amarilis	Amazonas	Luya	Lamud	Lamud	1	-6.10075	-77.94977778	2330	12/04/2016
492	PER-1735	PAMA231F	<i>S. tuberosum</i>	Amarilis	Amazonas	Luya	Lamud	Lamud	1	-6.10075	-77.94977778	2330	12/04/2016
493	PER-1736	PAMA18A	<i>S. tuberosum</i>	Canchán	Amazonas	Luya	Lamud	Lamud	2	-6.149472222	-77.94897222	2824	4/04/2016
494	PER-1737	PAMA232F	<i>S. tuberosum</i>	Canchán	Amazonas	Luya	Lamud	Lamud	2	-6.149472222	-77.94897222	2824	12/04/2016
495	PER-1738	PAMA233F	<i>S. tuberosum</i>	Canchán	Amazonas	Luya	Lamud	Lamud	2	-6.149472222	-77.94897222	2824	12/04/2016
496	PER-1739	PAMA234F	<i>S. tuberosum</i>	Canchán	Amazonas	Luya	Lamud	Lamud	2	-6.149472222	-77.94897222	2824	12/04/2016
497	PER-1740	PAMA19A	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Amazonas	Luya	Lamud	Lamud	3	-6.122527778	-77.96241667	2590	4/04/2016
498	PER-1741	PAMA20A	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Amazonas	Luya	Lamud	Lamud	3	-6.122527778	-77.96241667	2590	4/04/2016
499	PER-1742	PAMA235F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Amazonas	Luya	Lamud	Lamud	3	-6.122527778	-77.96241667	2590	12/04/2016
500	PER-1743	PAMA236F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Amazonas	Luya	Lamud	Lamud	3	-6.122527778	-77.96241667	2590	12/04/2016
501	PER-1744	PAMA237F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Amazonas	Luya	Lamud	Lamud	3	-6.122527778	-77.96241667	2590	12/04/2016
502	PER-1745	PAMA238F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Amazonas	Luya	Lamud	Lamud	3	-6.122527778	-77.96241667	2590	12/04/2016
503	PER-1746	PAMA239F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Amazonas	Luya	Lamud	Lamud	3	-6.122527778	-77.96241667	2590	12/04/2016
504	PER-1748	PAMA24A	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Amazonas	Luya	Longuita	Choctamal	6	-6.399444444	-77.98152778	2718	7/02/2017

N°	Código CIP	Muestra	Hospedero	Cultivar/Variiedad	Departamento	Provincia	Distrito	Centro Poblado	Campo	Latitud (Norte-Sur)	Longitud (Este-Oeste)	Altitud (m)	Fecha de colecta
505	PER-1749	PAMA31A	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Amazonas	Luya	Longuita	Choctamal	6	-6.399444444	-77.98152778	2718	7/02/2017
506	PER-1750	PAMA34A	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Amazonas	Luya	Longuita	Choctamal	6	-6.399444444	-77.98152778	2718	7/02/2017
507	PER-1751	PAMA23F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Amazonas	Luya	Longuita	Choctamal	6	-6.399444444	-77.98152778	2718	7/02/2017
508	PER-1752	PAMA24F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Amazonas	Luya	Longuita	Choctamal	6	-6.399444444	-77.98152778	2718	7/02/2017
509	PER-1753	PAMA29F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Amazonas	Luya	Longuita	Choctamal	6	-6.399444444	-77.98152778	2718	7/02/2017
510	PER-1754	PAMA30F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Amazonas	Luya	Longuita	Choctamal	6	-6.399444444	-77.98152778	2718	7/02/2017
511	PER-1755	PAMA25A	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Amazonas	Luya	Tingo	Tingo	9	-6.392111111	-77.93452778	2274	7/02/2017
512	PER-1756	PAMA26A	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Amazonas	Luya	Tingo	Tingo	9	-6.392111111	-77.93452778	2274	7/02/2017
513	PER-1757	PAMA32A	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Amazonas	Luya	Tingo	Tingo	9	-6.392111111	-77.93452778	2274	7/02/2017
514	PER-1758	PAMA25F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Amazonas	Luya	Tingo	Tingo	9	-6.392111111	-77.93452778	2274	7/02/2017
515	PER-1759	PAMA26F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Amazonas	Luya	Tingo	Tingo	9	-6.392111111	-77.93452778	2274	7/02/2017
516	PER-1760	PAMA27A	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Amazonas	Luya	Longuita	Huiquilla	5	-6.397944444	-77.9635	2536	7/02/2017
517	PER-1761	PAMA28A	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Amazonas	Luya	Longuita	Huiquilla	5	-6.397944444	-77.9635	2536	7/02/2017
518	PER-1762	PAMA27F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Amazonas	Luya	Longuita	Huiquilla	5	-6.397944444	-77.9635	2536	2/07/2017
519	PER-1763	PAMA28F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Amazonas	Luya	Longuita	Huiquilla	5	-6.397944444	-77.9635	2536	2/07/2017
520	PER-1769	PCZ188A	<i>S. tuberosum</i>	312637.103	Cusco	Anta	Zurite	Andenes (Estación experimental)	40	-13.44272568	-72.24217362	3443	21/02/2017
521	PER-1770	PCZ189A	<i>S. tuberosum</i>	312637.125	Cusco	Anta	Zurite	Andenes (Estación experimental)	40	-13.44272568	-72.24217362	3443	21/02/2017
522	PER-1771	PCZ191A	<i>S. tuberosum</i>	312637.402	Cusco	Anta	Zurite	Andenes (Estación experimental)	40	-13.44272568	-72.24217362	3443	21/02/2017
523	PER-1772	PCZ192A	<i>S. tuberosum</i>	312637.402	Cusco	Anta	Zurite	Andenes (Estación experimental)	40	-13.44272568	-72.24217362	3443	21/02/2017
524	PER-1773	PCZ188F	<i>S. tuberosum</i>	312637.103	Cusco	Anta	Zurite	Andenes (Estación experimental)	40	-13.44272568	-72.24217362	3443	21/02/2017
525	PER-1774	PCZ189F	<i>S. tuberosum</i>	312637.125	Cusco	Anta	Zurite	Andenes (Estación experimental)	40	-13.44272568	-72.24217362	3443	21/02/2017
526	PER-1775	PCZ190F	<i>S. tuberosum</i>	312637.402	Cusco	Anta	Zurite	Andenes (Estación experimental)	40	-13.44272568	-72.24217362	3443	21/02/2017
527	PER-1776	PCZ191F	<i>S. tuberosum</i>	312637.402	Cusco	Anta	Zurite	Andenes (Estación experimental)	40	-13.44272568	-72.24217362	3443	21/02/2017
528	PER-1777	PCZ192F	<i>S. tuberosum</i>	312637.402	Cusco	Anta	Zurite	Andenes (Estación experimental)	40	-13.44272568	-72.24217362	3443	21/02/2017
529	PER-1778	PCZ193F	<i>S. tuberosum</i>	312637.402	Cusco	Anta	Zurite	Andenes (Estación experimental)	40	-13.44272568	-72.24217362	3443	21/02/2017
530	PER-1779	PCZ196A	<i>S. tuberosum</i>	Compis	Cusco	Anta	Zurite	Andenes	42	-13.44258872	-72.24368862	3449	21/02/2017
531	PER-1780	PCZ199A	<i>S. tuberosum</i>	Canchán	Cusco	Anta	Zurite	Andenes	43	-13.4426259	-72.24708419	3449	21/02/2017
532	PER-1781	PCZ228A	<i>S. tuberosum</i>	Cica	Cusco	Anta	Zurite	Andenes	41	-13.44196607	-72.24292057	3448	21/02/2017
533	PER-1783	PCZ195F	<i>S. tuberosum</i>	Compis	Cusco	Anta	Zurite	Andenes	42	-13.44258872	-72.24368862	3449	21/02/2017
534	PER-1784	PCZ196F	<i>S. tuberosum</i>	Compis	Cusco	Anta	Zurite	Andenes	42	-13.44258872	-72.24368862	3449	21/02/2017
535	PER-1785	PCZ197F	<i>S. tuberosum</i>	Canchán	Cusco	Anta	Zurite	Andenes	43	-13.4426259	-72.24708419	3449	21/02/2017
536	PER-1786	PCZ198F	<i>S. tuberosum</i>	Canchán	Cusco	Anta	Zurite	Andenes	43	-13.4426259	-72.24708419	3449	21/02/2017
537	PER-1787	PCZ199F	<i>S. tuberosum</i>	Canchán	Cusco	Anta	Zurite	Andenes	43	-13.4426259	-72.24708419	3449	21/02/2017
538	PER-1788	PCZ202A	<i>S. tuberosum</i>	Compis	Cusco	Paucartambo	Challabamba	Cochapata	44	-13.28361197	-71.63498038	3007	22/02/2017
539	PER-1789	PCZ203A	<i>S. tuberosum</i>	Compis	Cusco	Paucartambo	Challabamba	Cochapata	44	-13.28361197	-71.63498038	3007	22/02/2017
540	PER-1790	PCZ229A	<i>S. tuberosum</i>	Compis	Cusco	Paucartambo	Challabamba	Cochapata	44	-13.28361197	-71.63498038	3007	21/02/2017
541	PER-1791	PCZ200F	<i>S. tuberosum</i>	Compis	Cusco	Paucartambo	Challabamba	Cochapata	44	-13.28361197	-71.63498038	3007	21/02/2017
542	PER-1792	PCZ201F	<i>S. tuberosum</i>	Compis	Cusco	Paucartambo	Challabamba	Cochapata	44	-13.28361197	-71.63498038	3007	21/02/2017
543	PER-1793	PCZ202F	<i>S. tuberosum</i>	Compis	Cusco	Paucartambo	Challabamba	Cochapata	44	-13.28361197	-71.63498038	3007	22/02/2017
544	PER-1794	PCZ203F	<i>S. tuberosum</i>	Compis	Cusco	Paucartambo	Challabamba	Cochapata	44	-13.28361197	-71.63498038	3007	22/02/2017
545	PER-1795	PCZ204F	<i>S. tuberosum</i>	Compis	Cusco	Paucartambo	Challabamba	Cochapata	44	-13.28361197	-71.63498038	3007	22/02/2017
546	PER-1796	PCZ205F	<i>S. tuberosum</i>	Compis	Cusco	Paucartambo	Challabamba	Cochapata	44	-13.28361197	-71.63498038	3007	22/02/2017
547	PER-1797	PCZ206F	<i>S. tuberosum</i>	Compis	Cusco	Paucartambo	Challabamba	Cochapata	44	-13.28361197	-71.63498038	3007	22/02/2017

N°	Código CIP	Muestra	Hospedero	Cultivar/Varietal	Departamento	Provincia	Distrito	Centro Poblado	Campo	Latitud (Norte-Sur)	Longitud (Este-Oeste)	Altitud (m)	Fecha de colecta
548	PER-1798	PCZ210A	<i>S. tuberosum</i>	Alianza	Cusco	Paucartambo	Challabamba	Chacllabamba baja	45	-13.10964	-71.71953	3428	22/02/2017
549	PER-1799	PCZ214A	<i>S. tuberosum</i>	Alianza	Cusco	Paucartambo	Challabamba	Chacllabamba baja	45	-13.10964	-71.71953	3428	22/02/2017
550	PER-1800	PCZ207F	<i>S. tuberosum</i>	Alianza	Cusco	Paucartambo	Challabamba	Chacllabamba baja	45	-13.10964	-71.71953	3428	22/02/2017
551	PER-1801	PCZ208F	<i>S. tuberosum</i>	Alianza	Cusco	Paucartambo	Challabamba	Chacllabamba baja	45	-13.10964	-71.71953	3428	22/02/2017
552	PER-1802	PCZ209F	<i>S. tuberosum</i>	Alianza	Cusco	Paucartambo	Challabamba	Chacllabamba baja	45	-13.10964	-71.71953	3428	22/02/2017
553	PER-1803	PCZ210F	<i>S. tuberosum</i>	Alianza	Cusco	Paucartambo	Challabamba	Chacllabamba baja	45	-13.10964	-71.71953	3428	22/02/2017
554	PER-1804	PCZ211F	<i>S. tuberosum</i>	Alianza	Cusco	Paucartambo	Challabamba	Chacllabamba baja	45	-13.10964	-71.71953	3428	22/02/2017
555	PER-1805	PCZ212F	<i>S. tuberosum</i>	Alianza	Cusco	Paucartambo	Challabamba	Chacllabamba baja	45	-13.10964	-71.71953	3428	22/02/2017
556	PER-1806	PCZ213F	<i>S. tuberosum</i>	Alianza	Cusco	Paucartambo	Challabamba	Chacllabamba baja	45	-13.10964	-71.71953	3428	22/02/2017
557	PER-1807	PCZ214F	<i>S. tuberosum</i>	Alianza	Cusco	Paucartambo	Challabamba	Chacllabamba baja	45	-13.10964	-71.71953	3428	22/02/2017
558	PER-1808	PCZ216A	<i>S. goniocalyx</i>	Peruanita	Cusco	Paucartambo	Challabamba	Pacopampa	46	-13.28661318	-71.63914474	3899	22/02/2017
559	PER-1809	PCZ215F	<i>S. goniocalyx</i>	Peruanita	Cusco	Paucartambo	Challabamba	Pacopampa	46	-13.28661318	-71.63914474	3899	22/02/2017
560	PER-1810	PCZ216F	<i>S. goniocalyx</i>	Peruanita	Cusco	Paucartambo	Challabamba	Pacopampa	46	-13.28661318	-71.63914474	3899	22/02/2017
561	PER-1811	PCZ217F	<i>S. goniocalyx</i>	Peruanita	Cusco	Paucartambo	Challabamba	Pacopampa	46	-13.28661318	-71.63914474	3899	22/02/2017
562	PER-1812	PCZ220A	<i>S. tuberosum</i>	Sani imilla	Cusco	Paucartambo	Challabamba	Lirijuyo	47	-12.79249385	-54.2736541	3803	22/02/2017
563	PER-1813	PCZ218F	<i>S. tuberosum</i>	Sani imilla	Cusco	Paucartambo	Challabamba	Lirijuyo	47	-12.79249385	-54.2736541	3803	22/02/2017
564	PER-1814	PCZ219F	<i>S. tuberosum</i>	Sani imilla	Cusco	Paucartambo	Challabamba	Lirijuyo	47	-12.79249385	-54.2736541	3803	22/02/2017
565	PER-1815	PCZ220F	<i>S. tuberosum</i>	Sani imilla	Cusco	Paucartambo	Challabamba	Lirijuyo	47	-12.79249385	-54.2736541	3803	22/02/2017
566	PER-1816	PCZ221F	<i>S. tuberosum</i>	Sani imilla	Cusco	Paucartambo	Challabamba	Lirijuyo	47	-12.79249385	-54.2736541	3803	22/02/2017
567	PER-1817	PCZ222F	<i>S. tuberosum</i>	Sani imilla	Cusco	Paucartambo	Challabamba	Lirijuyo	47	-12.79249385	-54.2736541	3803	22/02/2017
568	PER-1818	PCZ224F	<i>S. tuberosum</i>	Majtillo	Cusco	Paucartambo	Challabamba	Chickimay	48	-13.33998172	-77.77965187	4125	22/02/2017
569	PER-1819	PCZ227A	<i>S. tuberosum</i>	Cica	Cusco	Paucartambo	Challabamba	lcchipata	49	-13.2832326	-77.63671943	3851	22/02/2017
570	PER-1820	PCZ226F	<i>S. tuberosum</i>	Cica	Cusco	Paucartambo	Challabamba	lcchipata	49	-13.2832326	-77.63671943	3851	22/02/2017
571	PER-1821	PCZ230A	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Cusco	Paucartambo	Challabamba	Chisa - Rosaschay	50	-13.15676269	-77.68863137	3005	21/02/2017
572	PER-1822	PCO101A	<i>S. tuberosum</i>	Cultivada mejorada	Junín	Concepción	Comas	Muchac - Forestales	74	-11.77017	-75.15403	3957	7/03/2017
573	PER-1823	PJU15F	<i>S. tuberosum</i>	Cultivada mejorada	Junín	Concepción	Comas	Muchac - Forestales	74	-11.77017	-75.15403	3957	7/03/2017
574	PER-1824	PCO102A	<i>S. tuberosum</i>	Cultivada mejorada	Junín	Concepción	Comas	Muchac - Forestales	75	-11.77017	-75.15403	3957	7/03/2017
575	PER-1825	PJU16F	<i>S. tuberosum</i>	Cultivada mejorada	Junín	Concepción	Comas	Muchac - Forestales	75	-11.77017	-75.15403	3957	7/03/2017
576	PER-1826	PCO103A	<i>S. goniocalyx</i>	Peruanita	Junín	Concepción	Comas	Muchac - Celatapampa	76	-11.76844444	-75.14816667	3885	7/03/2017
577	PER-1827	PCO104A	<i>S. goniocalyx</i>	Peruanita	Junín	Concepción	Comas	Muchac - Celatapampa	76	-11.76844444	-75.14816667	3885	7/03/2017
578	PER-1828	PCO105A	<i>S. goniocalyx</i>	Peruanita	Junín	Concepción	Comas	Muchac - Celatapampa	76	-11.76844444	-75.14816667	3885	7/03/2017
579	PER-1829	PCO106A	<i>S. goniocalyx</i>	Peruanita	Junín	Concepción	Comas	Muchac - Celatapampa	76	-11.76844444	-75.14816667	3885	7/03/2017
580	PER-1830	PCO107A	<i>S. goniocalyx</i>	Peruanita	Junín	Concepción	Comas	Muchac - Celatapampa	76	-11.76844444	-75.14816667	3885	7/03/2017
581	PER-1831	PCO108A	<i>S. goniocalyx</i>	Peruanita	Junín	Concepción	Comas	Muchac - Celatapampa	76	-11.76844444	-75.14816667	3885	7/03/2017
582	PER-1832	PCO109A	<i>S. goniocalyx</i>	Peruanita	Junín	Concepción	Comas	Muchac - Celatapampa	76	-11.76844444	-75.14816667	3885	7/03/2017
583	PER-1833	PCO110A	<i>S. goniocalyx</i>	Peruanita	Junín	Concepción	Comas	Muchac - Celatapampa	76	-11.76844444	-75.14816667	3885	7/03/2017
584	PER-1834	PCO111A	<i>S. goniocalyx</i>	Peruanita	Junín	Concepción	Comas	Muchac - Celatapampa	76	-11.76844444	-75.14816667	3885	7/03/2017
585	PER-1835	PCO112A	<i>S. goniocalyx</i>	Peruanita	Junín	Concepción	Comas	Muchac - Celatapampa	76	-11.76844444	-75.14816667	3885	7/03/2017
586	PER-1836	PJU17F	<i>S. goniocalyx</i>	Peruanita	Junín	Concepción	Comas	Muchac - Celatapampa	76	-11.76844444	-75.14816667	3885	7/03/2017
587	PER-1837	PJU18F	<i>S. goniocalyx</i>	Peruanita	Junín	Concepción	Comas	Muchac - Celatapampa	76	-11.76844444	-75.14816667	3885	7/03/2017
588	PER-1838	PJU19F	<i>S. goniocalyx</i>	Peruanita	Junín	Concepción	Comas	Muchac - Celatapampa	76	-11.76844444	-75.14816667	3885	7/03/2017
589	PER-1839	PJU20F	<i>S. goniocalyx</i>	Peruanita	Junín	Concepción	Comas	Muchac - Celatapampa	76	-11.76844444	-75.14816667	3885	7/03/2017

N°	Código CIP	Muestra	Hospedero	Cultivar/Varietalidad	Departamento	Provincia	Distrito	Centro Poblado	Campo	Latitud (Norte-Sur)	Longitud (Este-Oeste)	Altitud (m)	Fecha de colecta
590	PER-1840	PJU21F	<i>S. goniocalyx</i>	Peruanita	Junín	Concepción	Comas	Muchac - Celatapampa	76	-11.76844444	-75.14816667	3885	7/03/2017
591	PER-1841	PJU22F	<i>S. goniocalyx</i>	Peruanita	Junín	Concepción	Comas	Muchac - Celatapampa	76	-11.76844444	-75.14816667	3885	7/03/2017
592	PER-1842	PJU23F	<i>S. goniocalyx</i>	Peruanita	Junín	Concepción	Comas	Muchac - Celatapampa	76	-11.76844444	-75.14816667	3885	7/03/2017
593	PER-1843	PJU24F	<i>S. goniocalyx</i>	Peruanita	Junín	Concepción	Comas	Muchac - Celatapampa	76	-11.76844444	-75.14816667	3885	7/03/2017
594	PER-1844	PJU25F	<i>S. goniocalyx</i>	Peruanita	Junín	Concepción	Comas	Muchac - Celatapampa	76	-11.76844444	-75.14816667	3885	7/03/2017
595	PER-1845	PJU26F	<i>S. goniocalyx</i>	Peruanita	Junín	Concepción	Comas	Muchac - Celatapampa	76	-11.76844444	-75.14816667	3885	7/03/2017
596	PER-1846	PJU27F	<i>S. goniocalyx</i>	Peruanita	Junín	Concepción	Comas	Muchac - Celatapampa	76	-11.76844444	-75.14816667	3885	7/03/2017
597	PER-1847	PCO113A	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Junín	Concepción	Mariscal Castilla	Viena	77	-11.64116667	-75.08777778	2590	7/03/2017
598	PER-1848	PCO114A	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Junín	Concepción	Mariscal Castilla	Viena	77	-11.64116667	-75.08777778	2590	7/03/2017
599	PER-1849	PCO115A	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Junín	Concepción	Mariscal Castilla	Viena	77	-11.64116667	-75.08777778	2590	7/03/2017
600	PER-1850	PCO116A	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Junín	Concepción	Mariscal Castilla	Viena	77	-11.64116667	-75.08777778	2590	7/03/2017
601	PER-1851	PCO117A	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Junín	Concepción	Mariscal Castilla	Viena	77	-11.64116667	-75.08777778	2590	7/03/2017
602	PER-1852	PCO118A	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Junín	Concepción	Mariscal Castilla	Viena	77	-11.64116667	-75.08777778	2590	7/03/2017
603	PER-1853	PJU28F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Junín	Concepción	Mariscal Castilla	Viena	77	-11.64116667	-75.08777778	2590	7/03/2017
604	PER-1854	PJU29F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Junín	Concepción	Mariscal Castilla	Viena	77	-11.64116667	-75.08777778	2590	7/03/2017
605	PER-1855	PJU30F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Junín	Concepción	Mariscal Castilla	Viena	77	-11.64116667	-75.08777778	2590	7/03/2017
606	PER-1856	PJU31F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Junín	Concepción	Mariscal Castilla	Viena	77	-11.64116667	-75.08777778	2590	7/03/2017
607	PER-1857	PJU32F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Junín	Concepción	Mariscal Castilla	Viena	77	-11.64116667	-75.08777778	2590	7/03/2017
608	PER-1858	PJU33F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Junín	Concepción	Mariscal Castilla	Viena	77	-11.64116667	-75.08777778	2590	7/03/2017
609	PER-1859	PCO131A	<i>S. tuberosum</i>	Cultivada mejorada	Junín	Concepción	Mariscal Castilla	Mariscal Castilla	78	-11.62308333	-75.089	2530	7/03/2017
610	PER-1860	PJU34F	<i>S. tuberosum</i>	Cultivada mejorada	Junín	Concepción	Mariscal Castilla	Mariscal Castilla	78	-11.62308333	-75.089	2530	7/03/2017
611	PER-1861	PJU35F	<i>S. tuberosum</i>	Cultivada mejorada	Junín	Concepción	Mariscal Castilla	Mariscal Castilla	78	-11.62308333	-75.089	2530	7/03/2017
612	PER-1862	PCO119A	<i>S. goniocalyx</i>	Amarilla	Junín	Concepción	Comas	Muchac	79	-11.58733333	-75.10636111	3158	7/03/2017
613	PER-1863	PCO120A	<i>S. goniocalyx</i>	Amarilla	Junín	Concepción	Comas	Muchac	79	-11.58733333	-75.10636111	3158	7/03/2017
614	PER-1864	PCO121A	<i>S. goniocalyx</i>	Amarilla	Junín	Concepción	Comas	Muchac	79	-11.58733333	-75.10636111	3158	7/03/2017
615	PER-1865	PCO122A	<i>S. goniocalyx</i>	Amarilla	Junín	Concepción	Comas	Muchac	79	-11.58733333	-75.10636111	3158	7/03/2017
616	PER-1866	PCO124A	<i>S. goniocalyx</i>	Amarilla	Junín	Concepción	Comas	Muchac	79	-11.58733333	-75.10636111	3158	7/03/2017
617	PER-1867	PCO123A	<i>S. goniocalyx</i>	Amarilla	Junín	Concepción	Comas	Muchac	79	-11.58733333	-75.10636111	3158	7/03/2017
618	PER-1868	PJU36F	<i>S. goniocalyx</i>	Amarilla	Junín	Concepción	Comas	Muchac	79	-11.58733333	-75.10636111	3158	7/03/2017
619	PER-1869	PJU37F	<i>S. goniocalyx</i>	Amarilla	Junín	Concepción	Comas	Muchac	79	-11.58733333	-75.10636111	3158	7/03/2017
620	PER-1870	PJU38F	<i>S. goniocalyx</i>	Amarilla	Junín	Concepción	Comas	Muchac	79	-11.58733333	-75.10636111	3158	7/03/2017
621	PER-1871	PJU39F	<i>S. goniocalyx</i>	Amarilla	Junín	Concepción	Comas	Muchac	79	-11.58733333	-75.10636111	3158	7/03/2017
622	PER-1872	PJU40F	<i>S. goniocalyx</i>	Amarilla	Junín	Concepción	Comas	Muchac	79	-11.58733333	-75.10636111	3158	7/03/2017
623	PER-1873	PJU41F	<i>S. goniocalyx</i>	Amarilla	Junín	Concepción	Comas	Muchac	79	-11.58733333	-75.10636111	3158	7/03/2017
624	PER-1874	PJU42F	<i>S. goniocalyx</i>	Amarilla	Junín	Concepción	Comas	Muchac	79	-11.58733333	-75.10636111	3158	7/03/2017
625	PER-1875	PJU43F	<i>S. goniocalyx</i>	Amarilla	Junín	Concepción	Comas	Muchac	79	-11.58733333	-75.10636111	3158	7/03/2017
626	PER-1876	PJU44F	<i>S. goniocalyx</i>	Amarilla	Junín	Concepción	Comas	Muchac	79	-11.58733333	-75.10636111	3158	7/03/2017
627	PER-1877	PCO125A	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Junín	Concepción	Comas	Pukara	80	-11.60283333	-75.11416667	3568	7/03/2017
628	PER-1878	PJU45F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Junín	Concepción	Comas	Pukara	80	-11.60283333	-75.11416667	3568	7/03/2017
629	PER-1879	PCO126A	<i>S. tuberosum</i>	Cultivada mejorada	Junín	Concepción	Cochas	Andas	81	-11.62597222	-75.11041667	3610	7/03/2017
630	PER-1880	PCO127A	<i>S. tuberosum</i>	Cultivada mejorada	Junín	Concepción	Cochas	Andas	81	-11.62597222	-75.11041667	3610	7/03/2017
631	PER-1881	PCO128A	<i>S. tuberosum</i>	Cultivada mejorada	Junín	Concepción	Cochas	Andas	81	-11.62597222	-75.11041667	3610	7/03/2017

N°	Código CIP	Muestra	Hospedero	Cultivar/Varietal	Departamento	Provincia	Distrito	Centro Poblado	Campo	Latitud (Norte-Sur)	Longitud (Este-Oeste)	Altitud (m)	Fecha de colecta
632	PER-1882	PJU46F	<i>S. tuberosum</i>	Blanca Mejorada	Junín	Concepción	Cochas	Andas	81	-11.62597222	-75.11041667	3610	7/03/2017
633	PER-1883	PJU47F	<i>S. tuberosum</i>	Blanca Mejorada	Junín	Concepción	Cochas	Andas	81	-11.62597222	-75.11041667	3610	7/03/2017
634	PER-1884	PJU48F	<i>S. tuberosum</i>	Blanca Mejorada	Junín	Concepción	Cochas	Andas	81	-11.62597222	-75.11041667	3610	7/03/2017
635	PER-1885	PJU49F	<i>S. tuberosum</i>	Blanca Mejorada	Junín	Concepción	Cochas	Andas	81	-11.62597222	-75.11041667	3610	7/03/2017
636	PER-1886	PJU50F	<i>S. tuberosum</i>	Blanca Mejorada	Junín	Concepción	Cochas	Andas	81	-11.62597222	-75.11041667	3610	7/03/2017
637	PER-1887	PCO129A	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Junín	Concepción	Comas	Pomamanta	82	-11.73952778	-75.12575	3602	7/03/2017
638	PER-1888	PCO130A	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Junín	Concepción	Comas	Pomamanta	82	-11.73952778	-75.12575	3602	7/03/2017
639	PER-1889	PJU51F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Junín	Concepción	Comas	Pomamanta	82	-11.73952778	-75.12575	3602	7/03/2017
640	PER-1890	PJU52F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Junín	Concepción	Comas	Pomamanta	82	-11.73952778	-75.12575	3602	7/03/2017
641	PER-1891	PJU53F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Junín	Concepción	Comas	Pomamanta	82	-11.73952778	-75.12575	3602	7/03/2017
642	PER-1894	PCO132A	<i>S. tuberosum</i>	Cultivada mejorada	Junín	Jauja	Apata	Chicchi	83	-11.83080556	-75.30263889	3872	7/03/2017
643	PER-1895	PJU55F	<i>S. tuberosum</i>	Cultivada mejorada	Junín	Jauja	Apata	Chicchi	83	-11.83080556	-75.30263889	3872	7/03/2017
644	PER-1896	PJU56F	<i>S. tuberosum</i>	Cultivada mejorada	Junín	Jauja	Apata	Chicchi	83	-11.83080556	-75.30263889	3872	7/03/2017
645	PER-1897	PJU21A	<i>S. tuberosum</i>	Cultivada mejorada	Junín	Jauja	Molinos		84	-11.72997222	-75.43427778	3494	8/03/2017
646	PER-1898	PJU22A	<i>S. tuberosum</i>	Cultivada mejorada	Junín	Jauja	Molinos		84	-11.72997222	-75.43427778	3494	8/03/2017
647	PER-1899	PJU23A	<i>S. tuberosum</i>	Cultivada mejorada	Junín	Jauja	Molinos		84	-11.72997222	-75.43427778	3494	8/03/2017
648	PER-1900	PJU24A	<i>S. tuberosum</i>	Cultivada mejorada	Junín	Jauja	Molinos		84	-11.72997222	-75.43427778	3494	8/03/2017
649	PER-1901	PJU25A	<i>S. tuberosum</i>	Cultivada mejorada	Junín	Jauja	Molinos		84	-11.72997222	-75.43427778	3494	8/03/2017
650	PER-1902	PJU57F	<i>S. tuberosum</i>	Cultivada mejorada	Junín	Jauja	Molinos		84	-11.72997222	-75.43427778	3494	8/03/2017
651	PER-1903	PJU58AF	<i>S. tuberosum</i>	Cultivada mejorada	Junín	Jauja	Molinos		84	-11.72997222	-75.43427778	3494	8/03/2017
652	PER-1904	PJU58BF	<i>S. tuberosum</i>	Cultivada mejorada	Junín	Jauja	Molinos		84	-11.72997222	-75.43427778	3494	8/03/2017
653	PER-1905	PJU59F	<i>S. tuberosum</i>	Cultivada mejorada	Junín	Jauja	Molinos		84	-11.72997222	-75.43427778	3494	8/03/2017
654	PER-1906	PJU60F	<i>S. tuberosum</i>	Cultivada mejorada	Junín	Jauja	Molinos		84	-11.72997222	-75.43427778	3494	8/03/2017
655	PER-1907	PJU61F	<i>S. tuberosum</i>	Cultivada mejorada	Junín	Jauja	Molinos		84	-11.72997222	-75.43427778	3494	8/03/2017
656	PER-1908	PJU62F	<i>S. tuberosum</i>	Cultivada mejorada	Junín	Jauja	Molinos		84	-11.72997222	-75.43427778	3494	8/03/2017
657	PER-1909	PJU36A	<i>S. tuberosum</i>	Cultivada mejorada	Junín	Jauja	Molinos		85	-11.73022222	-75.43416667	3497	8/03/2017
658	PER-1910	PJU63F	<i>S. tuberosum</i>	Cultivada mejorada	Junín	Jauja	Molinos		85	-11.73022222	-75.43416667	3497	8/03/2017
659	PER-1911	PJU64F	<i>S. tuberosum</i>	Cultivada mejorada	Junín	Jauja	Molinos		85	-11.73022222	-75.43416667	3497	8/03/2017
660	PER-1912	PJU26A	<i>S. tuberosum</i>	Canchán	Junín	Jauja	Acolla	Chocón	86	-11.78944444	-75.52508333	3596	8/03/2017
661	PER-1913	PJU27A	<i>S. tuberosum</i>	Canchán	Junín	Jauja	Acolla	Chocón	86	-11.78944444	-75.52508333	3596	8/03/2017
662	PER-1914	PJU28A	<i>S. tuberosum</i>	Canchán	Junín	Jauja	Acolla	Chocón	86	-11.78944444	-75.52508333	3596	8/03/2017
663	PER-1915	PJU29A	<i>S. tuberosum</i>	Canchán	Junín	Jauja	Acolla	Chocón	86	-11.78944444	-75.52508333	3596	8/03/2017
664	PER-1916	PJU30A	<i>S. tuberosum</i>	Canchán	Junín	Jauja	Acolla	Chocón	86	-11.78944444	-75.52508333	3596	8/03/2017
665	PER-1917	PJU65F	<i>S. tuberosum</i>	Canchán	Junín	Jauja	Acolla	Chocón	86	-11.78944444	-75.52508333	3596	8/03/2017
666	PER-1918	PJU66F	<i>S. tuberosum</i>	Canchán	Junín	Jauja	Acolla	Chocón	86	-11.78944444	-75.52508333	3596	8/03/2017
667	PER-1919	PJU67F	<i>S. tuberosum</i>	Canchán	Junín	Jauja	Acolla	Chocón	86	-11.78944444	-75.52508333	3596	8/03/2017
668	PER-1920	PJU68F	<i>S. tuberosum</i>	Canchán	Junín	Jauja	Acolla	Chocón	86	-11.78944444	-75.52508333	3596	8/03/2017
669	PER-1921	PJU69F	<i>S. tuberosum</i>	Canchán	Junín	Jauja	Acolla	Chocón	86	-11.78944444	-75.52508333	3596	8/03/2017
670	PER-1922	PJU70F	<i>S. tuberosum</i>	Canchán	Junín	Jauja	Acolla	Chocón	86	-11.78944444	-75.52508333	3596	8/03/2017
671	PER-1923	PJU31A	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Junín	Jauja	Acolla	Chocón	86	-11.78944444	-75.52508333	3596	8/03/2017
672	PER-1924	PJU71F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Junín	Jauja	Acolla	Chocón	86	-11.78944444	-75.52508333	3596	8/03/2017
673	PER-1925	PJU32A	<i>S. tuberosum</i>	Unica	Junín	Jauja	Acolla	Chocón	86	-11.78944444	-75.52508333	3596	8/03/2017

N°	Código CIP	Muestra	Hospedero	Cultivar/Varietal	Departamento	Provincia	Distrito	Centro Poblado	Campo	Latitud (Norte-Sur)	Longitud (Este-Oeste)	Altitud (m)	Fecha de colecta
674	PER-1926	PJU72F	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Junín	Jauja	Acolla	Chocón	86	-11.78944444	-75.52508333	3596	8/03/2017
675	PER-1927	PJU33A	<i>S. tuberosum</i>	Cultivada mejorada	Junín	Jauja	Acolla		87	-11.76836111	-75.53083333	3488	8/03/2017
676	PER-1928	PJU73F	<i>S. tuberosum</i>	Cultivada mejorada	Junín	Jauja	Acolla		87	-11.76836111	-75.53083333	3488	8/03/2017
677	PER-1929	PJU34A	<i>S. tuberosum</i>	Yungay	Junín	Tarma	Tarma	Tarmatambo	88	-11.44427778	-75.69072222	3273	8/03/2017
678	PER-1930	PJU35A	<i>S. tuberosum</i>	Canchán	Junín	Tarma	Huaricolca	Huaricolca	89	-11.50017	-75.65656	3723	8/03/2017
679	PER-1931	PPI83A	<i>S. tuberosum</i>	Amarilla	Piura	Huancabamba	Huancabamba	Nueva Esperanza	105	-5.3055	-79.48194444	2776	11/04/2017
680	PER-1932	PPI84F	<i>S. tuberosum</i>	Amarilla	Piura	Huancabamba	Huancabamba	Nueva Esperanza	105	-5.3055	-79.48194444	2776	11/04/2017
681	PER-1933	PPI85A	<i>S. tuberosum</i>	Amarilis	Piura	Huancabamba	Huancabamba	Quispampa	106	-5.25922222	-79.48194444	2009	11/04/2017
682	PER-1934	PPI86A	<i>S. tuberosum</i>	Amarilis	Piura	Huancabamba	Huancabamba	Quispampa	107	-5.25922222	-79.48194444	2009	11/04/2017
683	PER-1935	PPI87F	<i>S. tuberosum</i>	Amarilis	Piura	Huancabamba	Huancabamba	Quispampa	107	-5.259638889	-79.44613889	2009	11/04/2017
684	PER-1936	PPI88A	<i>S. tuberosum</i>	Amarilis	Piura	Huancabamba	Huancabamba	Quispampa	108	-5.262527778	-79.44722222	2000	11/04/2017
685	PER-1937	PPI89F	<i>S. tuberosum</i>	Amarilis	Piura	Huancabamba	Huancabamba	Quispampa	108	-5.262527778	-79.44722222	2000	11/04/2017
686	PER-1938	PPI90A	<i>S. tuberosum</i>	Amarilis	Piura	Huancabamba	Huancabamba	El Tambo	109	-5.219027778	-79.47561111	2412	11/04/2017
687	PER-1939	PPI92F	<i>S. tuberosum</i>	Amarilis	Piura	Huancabamba	Huancabamba	El Tambo	109	-5.219027778	-79.47561111	2414	11/04/2017
688	PER-1940	PPI91A	<i>S. tuberosum</i>	Amarilis	Piura	Huancabamba	Huancabamba	El Tambo	109	-5.219027778	-79.47561111	2413	11/04/2017
689	PER-1941	PPI93A	<i>S. tuberosum</i>	Amarilis	Piura	Huancabamba	Huancabamba	El Tambo	110	-5.214611111	-79.48133333	2652	11/04/2017
690	PER-1942	PPI94F	<i>S. tuberosum</i>	Amarilis	Piura	Huancabamba	Huancabamba	El Tambo	110	-5.214611111	-79.48133333	2653	11/04/2017
691	PER-1943	PPI95A	<i>S. tuberosum</i>	Amarilis	Piura	Huancabamba	Huancabamba	Matara	111	-5.185888889	-79.51494444	2963	11/04/2017
692	PER-1944	PPI96A	<i>S. tuberosum</i>	Amarilis	Piura	Huancabamba	Huancabamba	Matara	111	-5.185888889	-79.51494444	2964	11/04/2017
693	PER-1945	PPI97A	<i>S. tuberosum</i>	Amarilis	Piura	Huancabamba	Huancabamba	Jacocha	112	-5.197527778	-79.53177778	2940	11/04/2017
694	PER-1946	PPI98A	<i>S. tuberosum</i>	Amarilis	Piura	Huancabamba	Huancabamba	Jacocha	113	-5.197527778	-79.53177778	2941	11/04/2017
695	PER-1947	PPI99A	<i>S. tuberosum</i>	Amarilis/Colegiala	Piura	Huancabamba	Huancabamba	Ñangali	114	-5.176194444	-79.45255556	2250	11/04/2017
696	PER-1948	PPI100A	<i>S. tuberosum</i>	Amarilis	Piura	Huancabamba	Huancabamba	Lucho	115	-5.186305556	-79.41969444	2122	11/04/2017
697	PER-1949	PPI101A	<i>S. tuberosum</i>	Amarilis	Piura	Huancabamba	Huancabamba	Lucho	116	-5.186305556	-79.41969444	2123	11/04/2017
698	PER-1950	PPI102F	<i>S. tuberosum</i>	Amarilis	Piura	Huancabamba	Huancabamba	Lucho	117	-5.186305556	-79.41969444	2124	11/04/2017
699	PER-1962	PLL68A	<i>S. tuberosum</i>	Amarilis	La Libertad	Sánchez Carrión	Chugay	La Soledad	93	-7.77957	-77.872505	3700	2016
700	PER-1963	PLL69A	<i>S. tuberosum</i>	Kausay	La Libertad	Sánchez Carrión	Chugay	La Soledad	93	-7.77957	-77.872505	3700	2016
701	PER-1964	PLL70A	<i>S. tuberosum</i>	Poderosa	La Libertad	Sánchez Carrión	Chugay	La Soledad	93	-7.77957	-77.872505	3700	2016

Anexo 2: Tabla de características fenotípicas y genotípicas de las 701 muestras de *P. infestans* estudiadas.

N°	Muestra	Metalaxyl	Raza Fisiológica	mtADN	Linaje Clonal	MLG	D13-1	D13-2	D13-3	SSR8-1	SSR8-2	SSR8-3	SSR4-1	SSR4-2	SSR4-3	PI04-1	PI04-2	PI04-3	PI70-1	PI70-2	PI70-3	SSR6-1	SSR6-2	SSR6-3	PI63-1	PI63-2	PI63-3	G11-1	G11-2	G11-3	SSR3_PI02-1	SSR3_PI02-2	SSR3_PI02-3	SSR11-1	SSR11-2	SSR11-3	SSR2-1	SSR2-2	SSR2-3	PI4B-1	PI4B-2	PI4B-3	Electroferograma
1	PHU90A	R	1,3,4,7,11	IIa	EC-1	204	134	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_Microsat_2_A02_PHU90.fsa
2	PHU91A	R	1,3,4,7,10,11	IIa	EC-1	89	134	136	-9	264	266	-9	284	292	300	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	154	156	-9	266	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	CIP_Microsat_2_B02_PHU91.fsa
3	PHU1F				EC-1	83	128	136	-9	264	266	-9	284	292	300	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	154	156	-9	266	268	272	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	CIP_microsat_2_3_E05_PHU1.fsa
4	PHU2F				EC-1	84	128	136	-9	264	266	-9	284	292	300	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	266	268	272	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	CIP_microsat_2_3_F05_PHU2.fsa
5	PHU3F			IIa	EC-1	184	134	136	-9	264	266	-9	284	294	-9	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_2_3_G05_PHU3.fsa
6	PHU4F				EC-1	90	134	136	-9	264	266	-9	284	292	300	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	266	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	CIP_Microsat_2_E10_PHU4.fsa
7	PHU92A	R	1,3,4,7,10,11	IIa	EC-1	204	134	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_3_1_E03_RepS1P2_PHU92.fsa
8	PHU5F			IIa	EC-1	168	134	136	-9	266	266	-9	284	292	-9	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_2_3_H05_PHU5.fsa
9	PHU6F			IIa	EC-1	137	128	136	-9	264	266	-9	284	292	-9	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_3_5_E04_RepS2P3_PHU6.fsa
10	PHU93A	R	1,3,4,6,7,10,11	IIa	EC-1	205	134	136	-9	264	268	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	-9	-9	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_Microsat_2_D02_PHU93.fsa
11	PHU7F				EC-1	86	134	136	-9	264	266	-9	284	292	302	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	266	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	CIP_microsat_3_5_A02_PHU70K.fsa
12	PHU8F				EC-1	204	134	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_2_3_C06_PHU8.fsa
13	PHU9F				EC-1	204	134	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_2_3_D06_PHU9.fsa
14	PHU10F				EC-1	179	134	136	-9	264	266	-9	284	292	296	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	160	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_2_3_E06_PHU10.fsa
15	PHU11F			IIa	EC-1	185	134	136	-9	264	266	-9	288	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_2_3_F06_PHU11.fsa
16	PHU12F				EC-1	204	134	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_2_3_G06_PHU12.fsa
17	PHU13F				EC-1	204	134	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_2_3_H06_PHU13.fsa
18	PHU14F				EC-1	205	134	136	-9	264	268	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	-9	-9	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_Microsat_2_F10_PHU14.fsa
19	PHU15F			IIa	EC-1	105	134	136	-9	264	266	-9	284	292	304	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	158	-9	266	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	CIP_microsat_2_3_A07_PHU15.fsa
20	PHU94A	R	1,3,10	IIa	EC-1	182	134	136	-9	264	266	-9	284	290	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_Microsat_2_E02_PHU94.fsa
21	PHU16F				EC-1	191	134	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	160	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_2_3_B07_PHU16.fsa
22	PHU17F				EC-1	204	134	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_3_5_F04_RepS2P3_PHU17.fsa
23	PHU18F				EC-1	204	134	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_2_3_D07_PHU18.fsa
24	PHU95A	R	1,3,4,7,10,11	IIa	EC-1	180	134	136	-9	264	266	-9	284	292	296	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_Microsat_2_F02_PHU95.fsa
25	PHU19F				EC-1	204	134	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_2_3_E07_PHU19.fsa
26	PHU20F				EC-1	191	134	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	160	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_2_3_F07_PHU20.fsa
27	PHU96A	R	1,2,3,4,7,10,11	IIa	EC-1	204	134	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_Microsat_2_G02_PHU96.fsa
28	PHU21F				EC-1	204	134	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_2_3_G07_PHU21.fsa
29	PHU22F				EC-1	171	134	136	-9	264	266	-9	284	292	302	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_2_3_H07_PHU22.fsa
30	PHU23F				EC-1	153	136	138	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_2_3_A08_PHU23.fsa
31	PHU24F				EC-1	205	134	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	-9	-9	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_Microsat_2_G10_PHU24.fsa
32	PHU25F				EC-1	204	134	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_2_3_B08_PHU25.fsa
33	PHU26F				EC-1	185	134	136	-9	264	266	-9	288	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_2_3_C08_PHU26.fsa
34	PHU27F				EC-1	204	134	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_3_5_H04_RepS2P3_PHU27.fsa
35	PHU97A	R	1,4,7,11	IIa	EC-1	196	134	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	19																								

N°	Muestra	Metalaxyl	Raza Fisiológica	mtADN	Linaje Clonal	MLG	D13-1	D13-2	D13-3	SSR8-1	SSR8-2	SSR8-3	SSR4-1	SSR4-2	SSR4-3	PI04-1	PI04-2	PI04-3	PI70-1	PI70-2	PI70-3	SSR6-1	SSR6-2	SSR6-3	PI63-1	PI63-2	PI63-3	G11-1	G11-2	G11-3	SSR3_PI02-1	SSR3_PI02-2	SSR3_PI02-3	SSR11-1	SSR11-2	SSR11-3	SSR2-1	SSR2-2	SSR2-3	PI4B-1	PI4B-2	PI4B-3	Electroferograma
41	PHU32F				EC-1	204	134	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_3_5_F06_RepS1P3_PHU32.fsa
42	PHU33F				EC-1	204	134	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_2_3_A09_PHU33.fsa
43	PHU34F				EC-1	204	134	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_2_3_B09_PHU34.fsa
44	PHU35F				EC-1	204	134	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_3_5_G06_RepS2P3_PHU35.fsa
45	PHU36F				EC-1	204	134	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_2_3_D09_PHU36.fsa
46	PHU99A	R	7		EC-1	191	134	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	160	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_Microsat_2_B03_PHU99.fsa
47	PHU102A	R			EC-1	191	134	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	160	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_Microsat_2_E03_PHU102.fsa
48	PHU37F				EC-1	171	134	136	-9	264	266	-9	284	292	302	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_2_3_E09_PHU37.fsa
49	PHU38F				EC-1	204	134	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_2_3_G09_PHU38.fsa
50	PHU39F				EC-1	153	136	138	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_2_3_F09_PHU39.fsa
51	PHU40F				EC-1	204	134	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_2_3_H09_PHU40.fsa
52	PHU41F				EC-1	204	134	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_2_3_A10_PHU41.fsa
53	PHU42F				EC-1	82	128	136	-9	264	266	-9	284	292	302	166	170	-9	192	192	-9	242	244	246	-9	-9	-9	156	156	-9	266	268	272	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	CIP_Microsat_2_A11_PHU42.fsa
54	PHU43F				EC-1	204	134	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_2_3_B10_PHU43.fsa
55	PHU44F				EC-1	180	134	136	-9	264	266	-9	284	292	296	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_2_3_C10_PHU44.fsa
56	PHU45F				EC-1	204	134	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_3_5_A07_RepS2P3_PHU45.fsa
57	PHU46F				EC-1	180	134	136	-9	264	266	-9	284	292	296	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_2_3_E10_PHU46.fsa
58	PHU47F				EC-1	176	134	138	-9	264	266	-9	284	292	296	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	329	331	355	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_2_3_F10_PHU47.fsa
59	PHU48F				EC-1	191	134	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	160	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_2_3_G10_PHU48.fsa
60	PHU100A	R	1,3,4,5,6,7,10,11		EC-1	84	128	136	-9	264	266	-9	284	292	300	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	266	268	272	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	CIP_Microsat_2_C03_PHU100.fsa
61	PHU101A	R	1,3,4,7,10,11		EC-1	204	134	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_Microsat_2_D03_PHU101.fsa
62	PHU49F				EC-1	204	134	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_3_5_B07_RepS2P3_PHU49.fsa
63	PHU50F				EC-1	189	134	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_infestans_plate_4_3_C02_RepS2P3_PHU50.fsa
64	PHU51F				EC-1	204	134	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_2_3_B11_PHU51.fsa
65	PHU52F				EC-1	182	134	136	-9	264	266	-9	284	290	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_3_5_E07_RepS2P3_PHU52.fsa
66	PHU53F				EC-1	44	132	132	-9	264	266	-9	294	294	-9	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	355	355	-9	173	175	-9	204	207	-9	CIP_infestans_plate_4_3_D02_RepS2P3_PHU53.fsa
67	PHU54F				EC-1	84	128	136	-9	264	266	-9	284	292	300	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	266	268	272	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	CIP_Microsat_2_B11_PHU54.fsa
68	PHU55F				EC-1	164	132	134	-9	262	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_3_5_H07_RepS2P3_PHU55.fsa
69	PHU56F				EC-1	204	134	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_3_5_A08_RepS2P3_PHU56.fsa
70	PHU57F				EC-1	204	134	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_3_5_B08_RepS2P3_PHU57.fsa
71	PHU58F				EC-1	172	134	134	-9	264	266	-9	284	292	-9	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	-9	CIP_infestans_plate_4_3_E02_RepS2P3_PHU58.fsa
72	PHU59F				EC-1	150	132	138	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_2_3_A12_PHU59.fsa
73	PHU60F				EC-1	81	128	134	136	264	266	-9	284	292	300	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	272	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	CIP_infestans_plate_4_3_G02_RepS2P3_PHU60.fsa
74	PJU061F				EC-1	204	134	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_2_3_C12_PJU61.fsa
75	PJU062F				EC-1	204	134	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156														

Nº	Muestra	Metalaxyl	Raza Fisiológica	mtADN	Linaje Clonal	MLG	D13-1	D13-2	D13-3	SSR8-1	SSR8-2	SSR8-3	SSR4-1	SSR4-2	SSR4-3	PI04-1	PI04-2	PI04-3	PI70-1	PI70-2	PI70-3	SSR6-1	SSR6-2	SSR6-3	PI63-1	PI63-2	PI63-3	G11-1	G11-2	G11-3	SSR3_PI02-1	SSR3_PI02-2	SSR3_PI02-3	SSR11-1	SSR11-2	SSR11-3	SSR2-1	SSR2-2	SSR2-3	PI4B-1	PI4B-2	PI4B-3	Electroferograma	
83	PJU070F				EC-1	193	134	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	329	331	355	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_4_H01_PJU70.fsa	
84	PJU071F				EC-1	118	134	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	329	331	355	173	175	-9	204	213	217	CIP_microsat_4_A02_PJU71.fsa	
85	PJU072F				EC-1	193	134	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	329	331	355	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_4_B02_PJU72.fsa	
86	PJU073F				EC-1	193	134	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	329	331	355	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_4_C02_PJU73.fsa	
87	PJU074F				EC-1	193	134	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	329	331	355	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_4_D02_PJU74.fsa	
88	PAN27A	R	1,3,4,7,10,11		IIa	EC-1	161	134	140	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_3_1_B02_RepS1P1_PAN27.fsa
89	PAN75F				EC-1	161	134	140	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_2_1_E05_PAN75.fsa	
90	PAN76F				EC-1	161	134	140	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_2_1_F05_PAN76.fsa	
91	PAN77F				EC-1	161	134	140	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_2_1_G05_PAN77.fsa	
92	PAN78F				EC-1	161	134	140	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_Microsat_2_B08_PAN78.fsa	
93	PAN79F				EC-1	153	136	138	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_2_1_H05_PAN79.fsa	
94	PAN28A	R	1,2,3,4,7,10,11		IIa	EC-1	161	134	140	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_Microsat_1_F03_PAN28.fsa
95	PAN80F				EC-1	161	134	140	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_2_1_A06_PAN80.fsa	
96	PAN81F				EC-1	161	134	140	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_2_1_B06_PAN81.fsa	
97	PAN82F				EC-1	161	134	140	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_2_1_C06_PAN82.fsa	
98	PAN83F				EC-1	161	134	140	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_2_1_D06_PAN83.fsa	
99	PAN84F				EC-1	162	134	140	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	-9	-9	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_Microsat_2_C08_PAN84.fsa	
100	PAN85F				EC-1	161	134	140	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_2_1_E06_PAN85.fsa	
101	PAN86F				EC-1	161	134	140	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_2_1_F06_PAN86.fsa	
102	PAN29A	R			IIa	EC-1	204	134	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_Microsat_1_G03_PAN29.fsa
103	PAN30A	R	1,3,4,7		IIa	EC-1	196	134	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	154	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_Microsat_1_H03_PAN30.fsa
104	PAN87F				EC-1	161	134	140	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_2_1_H06_PAN87.fsa	
105	PAN88F				EC-1	204	134	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_2_1_G06_PAN88.fsa	
106	PAN89F				EC-1	204	134	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_2_1_A07_PAN89.fsa	
107	PAN90F				EC-1	161	134	140	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_2_1_B07_PAN90.fsa	
108	PAN91F				EC-1	162	134	140	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	-9	-9	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_Microsat_2_D08_PAN91.fsa	
109	PAN92F				EC-1	161	134	140	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_2_1_C07_PAN92.fsa	
110	PAN93F				EC-1	153	136	138	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_2_1_D07_PAN93.fsa	
111	PAN94F				EC-1	153	136	138	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_2_1_E07_PAN94.fsa	
112	PAN95F				EC-1	161	134	140	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_2_1_F07_PAN95.fsa	
113	PAN31A	R	1,2,3,4,6,7,10,11		IIa	EC-1	141	130	136	138	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_3_2_E02_RepS1P1_PAN31.fsa
114	PAN96F				EC-1	138	136	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_3_4_G04_RepS2P1_PAN96.fsa	
115	PAN97F				EC-1	142	130	136	138	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	-9	-9	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_Microsat_2_E08_PAN97.fsa	
116	PAN98F				EC-1	140	130	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_2_1_H07_PAN98.fsa	
117	PAN99F				EC-1	54	136	136	-9	264	266	-9	284	294	296	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	160	-9	268	268	-9											

Nº	Muestra	Metalaxyl	Raza Fisiológica	mtADN	Linaje Clonal	MLG	D13-1	D13-2	D13-3	SSR8-1	SSR8-2	SSR8-3	SSR4-1	SSR4-2	SSR4-3	PI04-1	PI04-2	PI04-3	PI70-1	PI70-2	PI70-3	SSR6-1	SSR6-2	SSR6-3	PI63-1	PI63-2	PI63-3	G11-1	G11-2	G11-3	SSR3_Pi02-1	SSR3_Pi02-2	SSR3_Pi02-3	SSR11-1	SSR11-2	SSR11-3	SSR2-1	SSR2-2	SSR2-3	PI4B-1	PI4B-2	PI4B-3	Electroferograma
125	PAN105F				EC-1	153	136	138	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_2_1_F08_PAN105.fsa
126	PAN106F				EC-1	153	136	138	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_2_1_G08_PAN106.fsa
127	PAN107F			lla	EC-1	104	134	136	-9	264	266	-9	284	292	296	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	266	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	CIP_microsat_2_1_H08_PAN107.fsa
128	PAN34A	R	1,2,3,4,5,6,7,10,11	lla	EC-1	153	136	138	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_Microsat_1_D04_PAN34.fsa
129	PAN35A	R	1,3,4,5,6,7,8,10,11	lla	EC-1	153	136	138	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_Microsat_1_E04_PAN35.fsa
130	PAN36A	R		lla	EC-1	147	136	138	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	154	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_Microsat_1_F04_PAN36.fsa
131	PAN44A	R	1,3,4,7,10,11	lla	EC-1	147	136	138	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	154	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_Microsat_1_E05_PAN44.fsa
132	PAN108F				EC-1	54	136	136	-9	264	266	-9	284	294	296	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	160	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	CIP_microsat_2_1_A09_PAN108.fsa
133	PAN109F			lla	EC-1	54	136	136	-9	264	266	-9	284	294	296	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	160	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	CIP_microsat_2_1_B09_PAN109.fsa
134	PAN123F				EC-1	153	136	138	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_2_1_G10_PAN123.fsa
135	PAN37A	R	1,2,3,4,5,7	lla	EC-1	204	134	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_Microsat_1_G04_PAN37.fsa
136	PAN110F				EC-1	204	134	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_2_1_C09_PAN110.fsa
137	PAN111F				EC-1	204	134	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_3_4_H04_RepS2P1_PAN111.fsa
138	PAN112F				EC-1	204	134	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_2_1_E09_PAN112.fsa
139	PAN113F				EC-1	204	134	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_2_1_F09_PAN113.fsa
140	PAN38A	R		lla	EC-1	204	134	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_3_1_C02_RepS1P1_PAN38.fsa
141	PAN39A	R	1,3,4,7,10,11	lla	EC-1	204	134	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_Microsat_1_A05_PAN39.fsa
142	PAN45A	R	1,3,4,7,10,11	lla	PE-3	7	142	142	-9	266	266	-9	288	294	-9	166	170	-9	192	195	-9	244	244	-9	279	279	-9	158	166	-9	268	268	-9	341	355	-9	175	175	-9	205	217	-9	CIP_microsat_3_1_D02_RepS1P1_PAN45.fsa
143	PAN114F				EC-1	204	134	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_2_1_G09_PAN114.fsa
144	PAN115F				EC-1	204	134	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_2_1_H09_PAN115.fsa
145	PAN116F				EC-1	160	130	140	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_2_1_A10_PAN116.fsa
146	PAN117F				EC-1	204	134	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_2_1_B10_PAN117.fsa
147	PAN118F				EC-1	160	130	140	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_2_1_C10_PAN118.fsa
148	PAN119F				EC-1	159	130	140	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	-9	-9	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_Microsat_2_G08_PAN119.fsa
149	PAN120F			lla	EC-1	78	134	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	266	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	CIP_microsat_2_1_D10_PAN120.fsa
150	PAN121F				EC-1	180	134	136	-9	264	266	-9	284	292	296	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_2_1_E10_PAN121.fsa
151	PAN122F				EC-1	204	134	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_2_1_F10_PAN122.fsa
152	PAN40A	R	1,3,4,6,7,10,11	lla	EC-1	160	130	140	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_infestans_plate_4_2_E03_RepS1P1_PAN40.fsa
153	PAN41A	R		lla	EC-1	204	134	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_Microsat_1_C05_PAN41.fsa
154	PAN124F				EC-1	204	134	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_2_1_H10_PAN124.fsa
155	PAN125F				EC-1	204	134	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_2_1_A11_PAN125.fsa
156	PAN126F				EC-1	158	130	140	-9	264	264	-9	284	292	300	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	329	331	355	173	175	-9	204	207	217	
157	PAN42A	R	1,3,4,7,10,11	lla	EC-1	204	134	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_Microsat_1_D05_PAN42.fsa
158	PAN127F				EC-1	204	134	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_2_1_C11_PAN127.fsa
159	PAN128F				EC-1	204	134	136	-9	264																																	

Nº	Muestra	Metalaxyl	Raza Fisiológica	mtADN	Linaje Clonal	MLG	D13-1	D13-2	D13-3	SSR8-1	SSR8-2	SSR8-3	SSR4-1	SSR4-2	SSR4-3	PI04-1	PI04-2	PI04-3	PI70-1	PI70-2	PI70-3	SSR6-1	SSR6-2	SSR6-3	PI63-1	PI63-2	PI63-3	G11-1	G11-2	G11-3	SSR3_PI02-1	SSR3_PI02-2	SSR3_PI02-3	SSR11-1	SSR11-2	SSR11-3	SSR2-1	SSR2-2	SSR2-3	PI4B-1	PI4B-2	PI4B-3	Electroferograma	
167	PAN136F				EC-1	204	134	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_2_1_C12_PAN136.fsa	
168	PAN137F				EC-1	204	134	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_Microsat_2_2_F01_PAN137.fsa	
169	PAN138F				EC-1	204	134	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_Microsat_2_2_G01_PAN138.fsa	
170	PAN139F			IIa	EC-1	169	134	136	-9	266	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	-9	CIP_Microsat_2_2_H01_PAN139.fsa	
171	PAN140F				EC-1	204	134	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_Microsat_2_2_A02_PAN140.fsa	
172	PCA1-1F				EC-1	166	132	134	146	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_Microsat_2_2_B02_PCA_C1_1.fsa	
173	PCA1-2F				EC-1	42	132	134	146	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	195	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	341	355	-9	173	175	-9	204	213	217	CIP_Microsat_2_2_C02_PCA_C1_2.fsa	
174	PCA2-1F				EC-1	167	132	134	146	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	195	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_Microsat_2_A09_PCA_C2_1.fsa	
175	PCA3-1F				EC-1	110	134	136	142	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	CIP_Microsat_2_2_D02_PCA_C3_1.fsa	
176	PCA4-1F				EC-1	48	134	136	-9	266	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	195	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	329	329	-9	173	175	-9	204	213	217	CIP_Microsat_2_2_E02_PCA_C4_1.fsa	
177	PCA7-1F				EC-1	43	132	134	146	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	341	355	-9	173	175	-9	204	213	217	CIP_Microsat_2_2_F02_PCA_C7_1.fsa	
178	PCA1F				EC-1	63	136	140	-9	264	266	-9	284	294	296	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	-9	-9	-9	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	-9	CIP_Microsat_2_B09_PCA1.fsa
179	PCA2F			IIa	EC-1	64	136	140	-9	264	266	-9	284	294	296	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	-9	CIP_Microsat_2_2_G02_PCA_2.fsa	
180	PCA3F				EC-1	64	136	140	-9	264	266	-9	284	294	296	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	-9	CIP_Microsat_2_2_H02_PCA_3.fsa	
181	PCA4F			IIa	EC-1	64	136	140	-9	264	266	-9	284	294	296	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	-9	CIP_Microsat_2_2_A03_PCA_4.fsa	
182	PCA5F			IIa	EC-1	136	136	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	CIP_Microsat_2_2_B03_PCA_5.fsa	
183	PCA6F				EC-1	136	136	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	CIP_Microsat_2_2_C03_PCA_6.fsa	
184	PCA8F				EC-1	74	136	138	140	264	266	-9	284	294	296	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	221	CIP_Microsat_2_2_D03_PCA_8.fsa	
185	PCA9F				EC-1	136	136	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	CIP_Microsat_2_2_E03_PCA_9.fsa	
186	PCA10F				EC-1	136	136	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	CIP_Microsat_2_2_F03_PCA_10.fsa	
187	PCA11F				EC-1	136	136	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	CIP_Microsat_2_2_G03_PCA_11.fsa	
188	PCA12F			IIa	EC-1	122	132	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	160	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	CIP_Microsat_2_2_H03_PCA_12.fsa	
189	PCA13F				EC-1	134	136	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	-9	-9	-9	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	CIP_Microsat_2_C09_PCA13.fsa
190	PCA14F				EC-1	127	136	138	-9	264	266	-9	284	292	294	160	166	170	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	CIP_infestans_plate_4_3_D01_PCA140K.fsa	
191	PCA15F				EC-1	77	136	140	-9	264	266	-9	284	294	296	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	221	CIP_Microsat_2_2_B04_PCA_15.fsa	
192	PCA16F			IIa	EC-1	130	130	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	CIP_Microsat_2_2_C04_PCA_16.fsa	
193	PCA18F				EC-1	136	136	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	CIP_Microsat_2_2_D04_PCA_18.fsa	
194	PCA72A	S	1,3,4,7,10,11	IIa	PE-3	16	146	146	-9	266	266	-9	290	296	-9	166	170	-9	192	195	-9	244	244	-9	279	279	-9	160	162	-9	268	268	-9	341	355	-9	175	175	-9	205	217	-9	CIP_Microsat_1_G05_PCA72.fsa	
195	PCA73adn			IIa	EC-1	66	140	144	-9	264	266	-9	284	294	-9	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	221	CIP_Microsat_1_H05_PCA73.fsa	
196	PCA74A	R	1,10,11	IIa	EC-1	77	136	140	-9	264	266	-9	284	294	296	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	221	CIP_infestans_plate_4_2_F03_RepS1P1_PCA74.fsa	
197	PCA75A	R	1,3,4,10,11	IIa	EC-1	125	136	136	-9	264	266	-9	284	292	294	160	166	170	192	192	-9	242	244	246	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	CIP_microsat_3_1_F02_RepS1P1_PCA75.fsa	
198	PCA76A	R	2,3,4,7	IIa	EC-1	136	136	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	CIP_Microsat_1_C06_PCA76.fsa	
199	PCA19F				EC-1	126	136	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	246	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	CIP_Microsat_2_2_E04_PCA_19.fsa	
200	PCA20F			IIa	EC-1	79	136	136	-9	264	266	-9	284	292	296	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	CIP_Microsat_2_D09_PCA20.fsa	
201	PCA21F				EC-1	136	136	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9																							

Nº	Muestra	Metalaxyl	Raza Fisiológica	mtADN	Linaje Clonal	MLG	D13-1	D13-2	D13-3	SSR8-1	SSR8-2	SSR8-3	SSR4-1	SSR4-2	SSR4-3	PI04-1	PI04-2	PI04-3	PI70-1	PI70-2	PI70-3	SSR6-1	SSR6-2	SSR6-3	PI63-1	PI63-2	PI63-3	G11-1	G11-2	G11-3	SSR3_P102-1	SSR3_P102-2	SSR3_P102-3	SSR11-1	SSR11-2	SSR11-3	SSR2-1	SSR2-2	SSR2-3	PI4B-1	PI4B-2	PI4B-3	Electroferograma	
209	PCA78A	S	1,4,7,10,11	Ila	EC-1	71	140	140	-9	264	266	-9	284	294	296	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	221	CIP_microsat_3_2_A04_RepS1P1_PCA78.fsa	
210	PCA29F				PE-3	11	120	120	-9	266	266	-9	290	294	-9	166	170	-9	192	195	-9	244	244	-9	279	279	-9	160	162	-9	268	268	-9	341	355	-9	175	175	-9	205	217	-9	CIP_Microsat_2_2_D05_PCA_29.fsa	
211	PCA30F				PE-3	11	120	120	-9	266	266	-9	290	294	-9	166	170	-9	192	195	-9	244	244	-9	279	279	-9	160	162	-9	268	268	-9	341	355	-9	175	175	-9	205	217	-9	CIP_Microsat_2_2_E05_PCA_30.fsa	
212	PCA31F				EC-1	49	132	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	205	217	-9	CIP_Microsat_2_F09_PCA31.fsa	
213	PCA32F			la	PE-3	10	120	120	-9	262	266	-9	290	294	-9	166	170	-9	192	195	-9	244	244	-9	279	279	-9	160	162	-9	268	268	-9	341	355	-9	175	175	-9	205	217	-9	CIP_Microsat_2_2_F05_PCA_32.fsa	
214	PCA33F			la	PE-3	31	148	150	-9	266	266	-9	290	294	-9	166	170	-9	192	195	-9	244	244	-9	279	279	-9	156	170	-9	268	268	-9	341	355	-9	175	175	-9	205	217	-9	CIP_Microsat_2_2_G05_PCA_33.fsa	
215	PCA34F			la	PE-3	11	120	120	-9	266	266	-9	290	294	-9	166	170	-9	192	195	-9	244	244	-9	279	279	-9	160	162	-9	268	268	-9	341	355	-9	175	175	-9	205	217	-9	CIP_Microsat_2_2_H05_PCA_34.fsa	
216	PCA79A	S	1,3,4,7,10,11	la	PE-3	22	146	146	-9	266	266	-9	290	294	-9	166	170	-9	192	195	-9	244	244	-9	279	279	-9	156	162	-9	268	268	-9	341	355	-9	175	175	-9	205	217	-9	CIP_Microsat_1_F06_PCA79.fsa	
217	PCA80A	S	1,3,7,10,11	la	PE-3	36	150	150	-9	266	266	-9	290	294	-9	166	170	-9	192	195	-9	244	244	-9	279	279	-9	156	166	-9	268	268	-9	341	355	-9	175	175	-9	205	217	-9	CIP_Microsat_1_G06_PCA80.fsa	
218	PCA81A	R	1,3,4,7,10,11	la	PE-3	33	148	148	-9	266	266	-9	290	294	-9	166	170	-9	192	195	-9	244	244	-9	279	279	-9	156	166	-9	268	268	-9	341	355	-9	175	175	-9	205	217	-9	CIP_microsat_3_2_C04_RepS1P1_PCA81.fsa	
219	PCA82A	M	1,3,7,10,11	la	PE-3	35	150	150	-9	266	266	-9	290	294	-9	160	166	170	-9	192	195	-9	244	244	-9	279	279	-9	156	166	-9	268	268	-9	341	355	-9	175	175	-9	205	217	-9	CIP_infestans_plate_4_2_G03_RepS1P1_PCA82.fsa
220	PCA35F				EC-1	136	136	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	CIP_Microsat_2_2_A06_PCA_35.fsa	
221	PCA36F			la	PE-3	18	146	146	-9	266	266	-9	290	294	-9	166	170	-9	192	195	-9	244	244	-9	279	279	-9	156	158	-9	268	268	-9	341	355	-9	175	175	-9	205	217	-9	CIP_Microsat_2_2_B06_PCA_36.fsa	
222	PCA37F			la	PE-3	37	148	150	-9	266	266	-9	290	294	-9	166	170	-9	192	195	-9	244	244	-9	279	279	-9	160	166	-9	268	268	-9	341	355	-9	175	175	-9	205	217	-9	CIP_Microsat_2_2_C06_PCA_37.fsa	
223	PCA38F				PE-3	11	120	120	-9	266	266	-9	290	294	-9	166	170	-9	192	195	-9	244	244	-9	279	279	-9	160	162	-9	268	268	-9	341	355	-9	175	175	-9	205	217	-9	CIP_microsat_3_4_D07_RepS2P2_PCA_38.fsa	
224	PCA39F			la	PE-3	1	150	150	-9	266	266	-9	292	296	-9	166	170	-9	192	195	-9	244	244	-9	279	279	-9	156	162	-9	268	268	-9	341	355	-9	175	175	-9	205	217	-9	CIP_microsat_3_4_D07_RepS2P2_PCA_39.fsa	
225	PCA40F				PE-3	11	120	120	-9	266	266	-9	290	294	-9	166	170	-9	192	195	-9	244	244	-9	279	279	-9	160	162	-9	268	268	-9	341	355	-9	175	175	-9	205	217	-9	CIP_Microsat_2_2_F06_PCA_40.fsa	
226	PCA41F			Ila	EC-1	58	136	138	140	264	266	-9	284	294	-9	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	CIP_Microsat_2_2_G06_PCA_41.fsa	
227	PCAPO58-1F				PE-3	36	150	150	-9	266	266	-9	290	294	-9	166	170	-9	192	195	-9	244	244	-9	279	279	-9	156	166	-9	268	268	-9	341	355	-9	175	175	-9	205	217	-9	CIP_Microsat_2_2_H06_PCA_PO58_1.fsa	
228	PCAPO58-2F				PE-3	22	146	146	-9	266	266	-9	290	294	-9	166	170	-9	192	195	-9	244	244	-9	279	279	-9	156	162	-9	268	268	-9	341	355	-9	175	175	-9	205	217	-9	CIP_microsat_3_4_E07_RepS2P2_PCA_PO58_2.fsa	
229	PCAPO58-3F				PE-3	39	148	150	-9	266	266	-9	290	294	-9	166	170	-9	192	195	-9	244	244	-9	-9	-9	-9	156	166	-9	268	268	-9	341	355	-9	175	175	-9	205	217	-9	CIP_Microsat_2_G09_PCA_PO58_3.fsa	
230	PCAPO58-4F				PE-3	38	148	150	-9	266	266	-9	290	294	-9	166	170	-9	192	195	-9	244	244	-9	279	279	-9	156	166	-9	268	268	-9	341	355	-9	175	175	-9	205	217	-9	CIP_Microsat_2_2_B07_PCA_PO58_4.fsa	
231	PCAPO58-5F			la	PE-3	17	144	146	-9	266	266	-9	290	296	-9	166	170	-9	192	195	-9	244	244	-9	279	279	-9	156	162	-9	268	268	-9	329	341	355	175	175	-9	205	217	-9	CIP_Microsat_2_2_C07_PCA_PO58_5.fsa	
232	PCAPO58-6F			la	PE-3	32	148	150	-9	266	266	-9	290	294	-9	166	170	-9	192	195	-9	244	244	-9	279	279	-9	156	158	-9	268	268	-9	329	341	355	175	175	-9	205	217	-9	CIP_infestans_plate_4_2_D08_RepS2P2_PCAPO58_6.fsa	
233	PCAPO58-7F			la	PE-3	34	146	148	-9	266	266	-9	290	294	-9	166	170	-9	192	195	-9	244	244	-9	279	279	-9	156	166	-9	268	268	-9	341	355	-9	175	175	-9	205	217	-9	CIP_Microsat_2_2_E07_PCA_PO58_7.fsa	
234	PCAPO58-8F			la	PE-3	29	142	142	-9	266	266	-9	290	294	-9	166	170	-9	192	195	-9	244	244	-9	279	279	-9	156	166	-9	268	268	-9	329	341	355	175	175	-9	205	217	-9	CIP_Microsat_2_2_F07_PCA_PO58_8.fsa	
235	PCAP62-1F				PE-3	30	142	142	-9	266	266	-9	290	294	-9	166	170	-9	192	195	-9	244	244	-9	279	279	-9	156	166	-9	268	268	-9	341	355	-9	175	175	-9	205	217	-9	CIP_Microsat_2_2_G07_PCA_P62_1.fsa	
236	PCAP62-2F				PE-3	30	142	142	-9	266	266	-9	290	294	-9	166	170	-9	192	195	-9	244	244	-9	279	279	-9	156	166	-9	268	268	-9	341	355	-9	175	175	-9	205	217	-9	CIP_Microsat_2_H09_PCA_P62_2.fsa	
237	PCAP62-3F				PE-3	30	142	142	-9	266	266	-9	290	294	-9	166	170	-9	192	195	-9	244	244	-9	279	279	-9	156	166	-9	268	268	-9	341	355	-9	175	175	-9	205	217	-9	CIP_Microsat_2_2_H07_PCA_P62_3.fsa	
238	PCAP62-4F				PE-3	23	140	140	-9	266	266	-9	290	294	-9	166	170	-9	192	195	-9	244	244	-9	279	279	-9	152	166	-9	268	268	-9	341	355	-9	175	175	-9	205	217	-9	CIP_infestans_plate_4_2_G08_RepS2P2_PCAp62_4.fsa	
239	PLL61A	R	3,4	Ila	EC-1	181	134	136	-9	264	266	-9	284	294	296	166	170	-9	192	192																								

Nº	Muestra	Metalaxyl	Raza Fisiológica	mtADN	Linaje Clonal	MLG	D13-1	D13-2	D13-3	SSR8-1	SSR8-2	SSR8-3	SSR4-1	SSR4-2	SSR4-3	PI04-1	PI04-2	PI04-3	PI70-1	PI70-2	PI70-3	SSR6-1	SSR6-2	SSR6-3	PI63-1	PI63-2	PI63-3	G11-1	G11-2	G11-3	SSR3_P102-1	SSR3_P102-2	SSR3_P102-3	SSR11-1	SSR11-2	SSR11-3	SSR2-1	SSR2-2	SSR2-3	PI4B-1	PI4B-2	PI4B-3	Electroferograma	
252	PLL63A	M	11		Ila	EC-1	71	140	140	-9	264	266	-9	284	294	296	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	221	CIP_Microsat_2_H03_PLL63.fsa
253	PLL12F					EC-1	70	140	140	-9	264	266	-9	284	294	296	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	154	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	221	CIP_microsat_4_G03_PLL_12.fsa
254	PLL13F					EC-1	204	134	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_4_H03_PLL_13.fsa
255	PLL14F				Ila	EC-1	59	136	142	144	264	266	-9	284	294	298	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	221	CIP_Microsat_2_E11_PLL14.fsa
256	PLL15F					EC-1	71	140	140	-9	264	266	-9	284	294	296	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	221	CIP_microsat_4_A04_PLL_15.fsa
257	PLL16F					EC-1	71	140	140	-9	264	266	-9	284	294	296	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	221	CIP_microsat_4_B04_PLL_16.fsa
258	PLL64A	R	3,5,11		Ila	EC-1	53	136	136	-9	264	266	-9	284	294	-9	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	CIP_Microsat_2_A04_PLL64.fsa
259	PLL65A	S	1,3,4,7,11		Ila	EC-1	71	140	140	-9	264	266	-9	284	294	296	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	221	CIP_Microsat_2_B04_PLL65.fsa
260	PLL66A	S	3,4,7,10		Ia	PE-3	22	146	146	-9	266	266	-9	290	294	-9	166	170	-9	192	195	-9	244	244	-9	279	279	-9	156	162	-9	268	268	-9	341	355	-9	175	175	-9	205	217	-9	CIP_microsat_3_2_F05_RepS1P1_PLL66.fsa
261	PLL67A	S	1,3,4,10		Ila	EC-1	65	140	140	-9	264	266	-9	284	294	300	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	266	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	221	CIP_microsat_3_2_G05_RepS1P1_PLL67.fsa
262	PLL17F					EC-1	204	134	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_4_C04_PLL_17.fsa
263	PLL18F					EC-1	71	140	140	-9	264	266	-9	284	294	296	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	221	CIP_Microsat_2_G05_PLL18.fsa
264	PLL19F					EC-1	204	134	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_4_E04_PLL_19.fsa
265	PLL20F					EC-1	71	140	140	-9	264	266	-9	284	294	296	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	221	CIP_microsat_4_F04_PLL_20.fsa
266	PLL21F					EC-1	71	140	140	-9	264	266	-9	284	294	296	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	221	CIP_Microsat_2_F11_PLL21.fsa
267	PLL23F					EC-1	70	140	140	-9	264	266	-9	284	294	296	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	154	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	221	CIP_microsat_4_G04_PLL_23.fsa
268	PLL24F					EC-1	70	140	140	-9	264	266	-9	284	294	296	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	221	CIP_microsat_4_H04_PLL_24.fsa
269	PLL25F					EC-1	71	140	140	-9	264	266	-9	284	294	296	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	221	CIP_Microsat_2_G05_PLL25.fsa
270	PLL26F					EC-1	77	136	140	-9	264	266	-9	284	294	296	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	221	CIP_microsat_4_B05_PLL_26.fsa
271	PP166A	R	3,4,7,10,11		Ila	EC-1	136	136	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	CIP_microsat_3_2_H05_RepS1P1_PPI66.fsa
272	PPI149F					EC-1	136	136	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	CIP_microsat_4_C05_PPI149.fsa
273	PPI181A	R	1,2,3,4,5,6,7,9,10,11		Ila	EC-1	136	136	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	CIP_Microsat_2_F05_PPI181.fsa
274	PP182A	R	2,4,7,11		Ila	EC-1	129	136	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	154	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	CIP_Microsat_2_G05_PPI182.fsa
275	PPI182F					EC-1	128	136	136	-9	264	266	-9	284	292	294	160	166	170	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	CIP_infestans_plate_4_3_H02_PPI182FTA.fsa
276	PPI183F					EC-1	108	136	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	217	-9	CIP_microsat_4_A08_PPI183.fsa
277	PPI185F					EC-1	136	136	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	CIP_microsat_4_B08_PPI185.fsa
278	PPI186F					EC-1	136	136	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	CIP_microsat_4_C08_PPI186.fsa
279	PPI187F					EC-1	136	136	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	CIP_microsat_4_D08_PPI187.fsa
280	PP167A	R	1,3,4,7,10,11		Ila	EC-1	136	136	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	CIP_Microsat_2_F04_PPI67.fsa
281	PPI188F					EC-1	133	136	136	-9	264	264	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	CIP_microsat_4_E08_PPI188.fsa
282	PPI189F					EC-1	136	136	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	CIP_microsat_4_F08_PPI189.fsa
283	PPI190F					EC-1	136	136	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	CIP_microsat_4_G08_PPI190.fsa
284	PPI191F					EC-1	136	136	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	CIP_microsat_4_H08_PPI191.fsa
285	PP170A	R	1,2,3,4,5,6,7,9,10,11		Ila	EC-1	136	136	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	CIP_Microsat_2_A05_PPI70.fsa
286	PPI192F					EC-1	136	136	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9																									

N°	Muestra	Metalaxyl	Raza Fisiológica	mtADN	Linaje Clonal	MLG	D13-1	D13-2	D13-3	SSR8-1	SSR8-2	SSR8-3	SSR4-1	SSR4-2	SSR4-3	P104-1	P104-2	P104-3	P170-1	P170-2	P170-3	SSR6-1	SSR6-2	SSR6-3	Pi63-1	Pi63-2	Pi63-3	G11-1	G11-2	G11-3	SSR3_Pi02-1	SSR3_Pi02-2	SSR3_Pi02-3	SSR11-1	SSR11-2	SSR11-3	SSR2-1	SSR2-2	SSR2-3	Pi4B-1	Pi4B-2	Pi4B-3	Electroferograma
294	PPI77A	R		Ila	EC-1	128	136	136	-9	264	266	-9	284	292	294	160	166	170	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	CIP_microsat_3_1_H03_RepS1P2_PPI77_fsa.fsa
295	PPI166F				EC-1	136	136	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	CIP_microsat_4_D06_PPI166.fsa
296	PPI167F				EC-1	136	136	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	CIP_microsat_4_E06_PPI167.fsa
297	PPI168F				EC-1	136	136	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	CIP_microsat_4_F06_PPI168.fsa
298	PPI169F				EC-1	136	136	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	CIP_microsat_4_G06_PPI169.fsa
299	PPI154F			Ila	EC-1	113	136	138	-9	264	266	-9	284	292	-9	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	CIP_microsat_4_D05_PPI154.fsa
300	PPI155F				EC-1	119	136	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	329	331	355	173	175	-9	204	213	217	CIP_microsat_4_E05_PPI155.fsa
301	PPI156F				EC-1	136	136	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	CIP_microsat_4_F05_PPI156.fsa
302	PPI157F				EC-1	93	136	136	-9	264	266	-9	284	292	296	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	CIP_microsat_4_G05_PPI157.fsa
303	PPI158F			Ila	EC-1	85	134	136	-9	264	266	-9	284	292	298	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	-9	-9	-9	156	156	-9	266	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	CIP_Microsat_2_G11_PPI158.fsa
304	PPI159F				EC-1	136	136	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	CIP_microsat_4_H05_PPI159.fsa
305	PPI160F				EC-1	136	136	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	CIP_microsat_4_A06_PPI160.fsa
306	PPI161F				EC-1	136	136	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	CIP_microsat_4_B06_PPI161.fsa
307	PPI163F				EC-1	136	136	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	CIP_microsat_4_C06_PPI163.fsa
308	PP175A	R	1,3,4,7,10,11	Ila	EC-1	128	136	136	-9	264	266	-9	284	292	294	160	166	170	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	CIP_microsat_3_1_G03_RepS1P2_PPI75_fsa.fsa
309	PPI69A	R	1,3,7,11	Ila	EC-1	128	136	136	-9	264	266	-9	284	292	294	160	166	170	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	CIP_microsat_3_1_F03_RepS1P2_PPI69.fsa
310	PPI78A	R		Ila	EC-1	128	136	136	-9	264	266	-9	284	292	294	160	166	170	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	CIP_microsat_3_1_A04_RepS1P2_PPI78_fsa.fsa
311	PPI80A	R		Ila	EC-1	128	136	136	-9	264	266	-9	284	292	294	160	166	170	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	CIP_microsat_3_1_B04_RepS1P2_PPI80_fsa.fsa
312	PPI172F				EC-1	114	136	138	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	CIP_microsat_4_H06_PPI172.fsa
313	PPI173F				EC-1	136	136	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	CIP_microsat_3_5_A09_RepS2P4_PPI173.fsa
314	PPI174F				EC-1	136	136	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	CIP_microsat_4_B07_PPI174.fsa
315	PPI175F				EC-1	136	136	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	CIP_microsat_4_C07_PPI175.fsa
316	PPI176F				EC-1	136	136	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	CIP_microsat_4_D07_PPI176.fsa
317	PPI177F				EC-1	136	136	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	CIP_microsat_4_E07_PPI177.fsa
318	PPI178F				EC-1	134	136	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	-9	-9	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	CIP_Microsat_2_H11_PPI178.fsa
319	PPI179F				EC-1	136	136	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	CIP_microsat_4_F07_PPI179.fsa
320	PPI180F				EC-1	136	136	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	CIP_microsat_4_G07_PPI180.fsa
321	PHCA71A	R	10	Ila	EC-1	153	136	138	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_Microsat_1_B07_PHCA71.fsa
322	PHCA72A	R		Ila	EC-1	139	134	136	138	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_Microsat_1_C07_PHCA72.fsa
323	PHCA73A	R		Ila	EC-1	153	136	138	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_Microsat_1_D07_PHCA73.fsa
324	PHCA75A	R		Ila	EC-1	149	136	138	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	270	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_Microsat_1_E07_PHCA75.fsa
325	PHCA76A	R		Ila	EC-1	153	136	138	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_Microsat_1_F07_PHCA76.fsa
326	PHCA77A	R		Ila	EC-1	153	136	138	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_Microsat_1_G07_PHCA77.fsa
327	PHCA1F				EC-1	153	136	138	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_Microsat_2_2_B08_PHCA_1.fsa
328	PHCA2F				EC-1	204	134	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156															

Nº	Muestra	Metalaxyl	Raza Fisiológica	mtADN	Linaje Clonal	MLG	D13-1	D13-2	D13-3	SSR8-1	SSR8-2	SSR8-3	SSR4-1	SSR4-2	SSR4-3	PI04-1	PI04-2	PI04-3	PI70-1	PI70-2	PI70-3	SSR6-1	SSR6-2	SSR6-3	PI63-1	PI63-2	PI63-3	G11-1	G11-2	G11-3	SSR3_P102-1	SSR3_P102-2	SSR3_P102-3	SSR11-1	SSR11-2	SSR11-3	SSR2-1	SSR2-2	SSR2-3	PI4B-1	PI4B-2	PI4B-3	Electroferograma
336	PHCA10F				EC-1	149	136	138	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	270	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_Microsat_2_2_C09_PHCA_10.fsa
337	PHCA11F				EC-1	153	136	138	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_Microsat_2_2_D09_PHCA_11.fsa
338	PHCA78A	R	1,3,4,7,10,11		lla	161	134	140	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_3_2_E04_RepS1P1_PHCA78.fsa
339	PHCA79A	R			lla	153	136	138	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_Microsat_1_A08_PHCA79.fsa
340	PHCA80A	R	1,3,10,11		lla	149	136	138	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	270	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_Microsat_1_B08_PHCA80.fsa
341	PHCA81A	R			lla	147	136	138	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	154	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_Microsat_1_C08_PHCA81.fsa
342	PHCA12F				EC-1	161	134	140	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_Microsat_2_2_E09_PHCA_12.fsa
343	PHCA13F				EC-1	204	134	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_Microsat_2_2_F09_PHCA_13.fsa
344	PHCA14F				EC-1	153	136	138	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_Microsat_2_2_G09_PHCA_14.fsa
345	PHCA15F				EC-1	204	134	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_Microsat_2_A10_PHCA15.fsa
346	PHCA16F				EC-1	161	134	140	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_Microsat_2_2_H09_PHCA_16.fsa
347	PHCA17F				EC-1	149	136	138	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	270	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_3_4_C08_RepS2P2_PHCA_17.fsa
348	PHCA18F				EC-1	153	136	138	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_infestans_plate_4_2_A09_RepS2P2_PHCA_18.fsa
349	PHCA19F				lla	165	132	134	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_3_4_E08_RepS2P2_PHCA_19.fsa
350	PHCA20F				EC-1	149	136	138	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	270	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_infestans_plate_4_2_C09_RepS2P2_PHCA_20.fsa
351	PHCA21F				EC-1	179	134	136	-9	264	266	-9	284	292	296	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	160	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_infestans_plate_4_2_D09_RepS2P2_PHCA_21.fsa
352	PHCA82A	R	1,3,4,7,10,11		lla	151	136	138	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	173	-9	204	207	217	CIP_infestans_plate_4_2_H03_RepS1P1_PHCA82.fsa
353	PHCA83A	R	1,3,4,7,10		lla	157	136	140	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	270	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_Microsat_1_E08_PHCA83.fsa
354	PHCA84A	R			lla	153	136	138	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_Microsat_1_F08_PHCA84.fsa
355	PHCA85A	R			lla	149	136	138	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	270	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_Microsat_1_G08_PHCA85.fsa
356	PHCA86A	R			lla	153	136	138	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_Microsat_1_H08_PHCA86.fsa
357	PHCA22F				EC-1	153	136	138	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_Microsat_2_2_F10_PHCA_22.fsa
358	PHCA23F				EC-1	149	136	138	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	270	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_Microsat_2_2_G10_PHCA_23.fsa
359	PHCA24F				lla	150	132	138	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_Microsat_2_2_H10_PHCA_24.fsa
360	PHCA25F				EC-1	153	136	138	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_3_4_H08_RepS2P2_PHCA_25.fsa
361	PHCA26F				EC-1	149	136	138	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	270	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_infestans_plate_4_2_F09_RepS2P2_PHCA_26.fsa
362	PHCA27F				EC-1	149	136	138	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	270	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_Microsat_2_2_D11_PHCA_27.fsa
363	PHCA28F				EC-1	153	136	138	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_Microsat_2_2_B10_PHCA_28.fsa
364	PHCA87A	R	1,3,4,7,10,11		lla	153	136	138	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_Microsat_1_A09_PHCA87.fsa
365	PHCA88A	R			lla	202	134	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	173	-9	204	207	217	CIP_Microsat_1_B09_PHCA88.fsa
366	PHCA89A	R			lla	153	136	138	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_Microsat_1_C09_PHCA89.fsa
367	PHCA90A	R			lla	204	134	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_Microsat_1_D09_PHCA90.fsa
368	PHCA91A	R			lla	153	136	138	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_Microsat_1_E09_PHCA91.fsa
369	PHCA92A	R			lla	153	136	138	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_Microsat_1_F09_PHCA92.fsa
370	PHCA29F				EC-1	153	136	138	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9													

N°	Muestra	Metalaxyl	Raza Fisiológica	mtADN	Linaje Clonal	MLG	D13-1	D13-2	D13-3	SSR8-1	SSR8-2	SSR8-3	SSR4-1	SSR4-2	SSR4-3	PI04-1	PI04-2	PI04-3	PI70-1	PI70-2	PI70-3	SSR6-1	SSR6-2	SSR6-3	PI63-1	PI63-2	PI63-3	G11-1	G11-2	G11-3	SSR3_Pi02-1	SSR3_Pi02-2	SSR3_Pi02-3	SSR11-1	SSR11-2	SSR11-3	SSR2-1	SSR2-2	SSR2-3	PI4B-1	PI4B-2	PI4B-3	Electroferograma			
378	PHCA37F				EC-1	153	136	138	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_3_4_E09_RepS2P3_PHCA_37.fsa			
379	PHCA93A	R	1,3,4,6,7,10,11		lla	EC-1	153	136	138	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_Microsat_1_G09_PHCA93.fsa		
380	PHCA94A	R			lla	EC-1	149	136	138	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	270	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_Microsat_1_H09_PHCA94.fsa		
381	PHCA38F				lla	EC-1	115	136	138	-9	266	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	-9	-9	-9	-9	-9	CIP_microsat_3_4_F09_RepS2P3_PHCA_38.fsa
382	PHCA39F				EC-1	149	136	138	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	270	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_Microsat_2_2_F12_PHCA_39.fsa			
383	PHCA40F				EC-1	149	136	138	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	270	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_Microsat_2_2_G12_PHCA_40.fsa			
384	PHCA41F				lla	EC-1	149	136	138	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	270	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_Microsat_2_2_H12_PHCA_41.fsa		
385	PHCA42F				EC-1	149	136	138	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	270	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_infestans_plate_4_2_D10_RepS2P3_PHCA_42.fsa			
386	PHCA95A	R	1,3,4,5,6,7,10,11		lla	EC-1	153	136	138	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_Microsat_1_A10_PHCA95.fsa		
387	PHCA96A	R			lla	EC-1	143	136	138	-9	264	266	-9	284	292	-9	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_Microsat_1_B10_PHCA96.fsa		
388	PHCA97A	R			lla	EC-1	153	136	138	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_Microsat_1_C10_PHCA97.fsa		
389	PHCA98A	R			lla	EC-1	153	136	138	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_Microsat_1_D10_PHCA98.fsa		
390	PHCA99A	R			lla	EC-1	153	136	138	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_Microsat_1_E10_PHCA99.fsa		
391	PHCA43F				EC-1	149	136	138	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	270	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_3_4_G09_RepS2P3_PHCA_43.fsa			
392	PHCA44F				EC-1	153	136	138	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_3_4_H09_RepS2P3_PHCA_44.fsa			
393	PHCA45F				EC-1	143	136	138	-9	264	266	-9	284	292	-9	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_infestans_plate_4_2_G10_RepS2P3_PHCA_45.fsa			
394	PHCA45bF				EC-1	114	136	138	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	CIP_infestans_plate_4_2_H10_RepS2P3_PHCA_45b.fsa			
395	PHCA46F				EC-1	111	136	138	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	-9	-9	-9	156	156	-9	266	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	-9	-9	-9	-9	CIP_infestans_plate_4_2_A11_RepS2P3_PHCA_46.fsa		
396	PHCA47F				EC-1	153	136	138	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_infestans_plate_4_2_B11_RepS2P3_PHCA_47.fsa			
397	PHCA48F				EC-1	153	136	138	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_2_3_H01_PHCA_48.fsa			
398	PHCA49F				EC-1	153	136	138	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_infestans_plate_4_2_D11_RepS2P3_PHCA_49.fsa			
399	PHCA50F				EC-1	153	136	138	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_infestans_plate_4_2_E11_RepS2P3_PHCA_50.fsa			
400	PHCA51F				EC-1	138	136	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_2_3_C02_PHCA_51.fsa			
401	PHCA100A	R	1,3,4,5,6,7,10,11		lla	EC-1	147	136	138	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	154	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_Microsat_1_F10_PHCA100.fsa		
402	PHCA101A	R	1,3,4,5,6,7,10,11		lla	EC-1	153	136	138	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_Microsat_1_G10_PHCA101.fsa		
403	PHCA102A	R			lla	EC-1	149	136	138	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	270	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_Microsat_1_H10_PHCA102.fsa		
404	PHCA103A	R			lla	EC-1	153	136	138	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_Microsat_1_A11_PHCA103.fsa		
405	PHCA52F				EC-1	153	136	138	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_infestans_plate_4_2_G11_RepS2P3_PHCA_52.fsa			
406	PHCA53F				EC-1	112	136	138	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	-9	-9	-9	-9	-9	CIP_microsat_3_4_C10_RepS2P3_PHCA_53.fsa	
407	PHCA54F				EC-1	156	136	140	-9	266	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	270	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_2_3_F02_PHCA_54.fsa			
408	PHCA55F				EC-1	153	136	138	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_3_5_B02_RepS2P3_PHCA_55.fsa			
409	PHCA56F				EC-1	153	136	138	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_3_5_C02_RepS2P3_PHCA_56.fsa			
410	PHCA105A	R			lla	EC-1	141	130	136	138	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_3_1_H02_RepS1P1_PHCA105.fsa		
411	PHCA106A	R			lla	EC-1	148	136	138	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	154	156	-9	268	270	-9	33											

Nº	Muestra	Metalaxyl	Raza Fisiológica	mtADN	Linaje Clonal	MLG	D13-1	D13-2	D13-3	SSR8-1	SSR8-2	SSR8-3	SSR4-1	SSR4-2	SSR4-3	PI04-1	PI04-2	PI04-3	PI70-1	PI70-2	PI70-3	SSR6-1	SSR6-2	SSR6-3	PI63-1	PI63-2	PI63-3	G11-1	G11-2	G11-3	SSR3_P102-1	SSR3_P102-2	SSR3_P102-3	SSR11-1	SSR11-2	SSR11-3	SSR2-1	SSR2-2	SSR2-3	PI4B-1	PI4B-2	PI4B-3	Electroferograma	
420	PHCA112A	R		Ila	EC-1	179	134	136	-9	264	266	-9	284	292	296	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	160	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_Microsat_1_A12_PHCA112.fsa	
421	PHCA114A	R		Ila	EC-1	179	134	136	-9	264	266	-9	284	292	296	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	160	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_Microsat_1_B12_PHCA114.fsa	
422	PHCA115A	R	1,3,4,7,10,11	Ila	EC-1	179	134	136	-9	264	266	-9	284	292	296	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	160	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_Microsat_1_C12_PHCA115.fsa	
423	PHCA60F				EC-1	184	134	136	-9	264	266	-9	284	294	-9	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_Microsat_2_C10_PHCA60.fsa	
424	PHCA61F				EC-1	204	134	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_2_3_D05_PHCA_61.fsa	
425	PHCA62F				EC-1	157	136	140	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	270	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_3_5_G02_RepS2P3_PHCA_62.fsa	
426	PHCA63F				EC-1	157	136	140	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	270	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_3_5_H02_RepS2P3_PHCA_63.fsa	
427	PHCA64F				EC-1	153	136	138	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_infestans_plate_4_2_C12_RepS2P3_PHCA_64.fsa	
428	PHCA65F			Ila	EC-1	184	134	136	-9	264	266	-9	284	294	-9	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_infestans_plate_4_3_F01_RepS2P3_PHCA_65.fsa	
429	PHCA66F				EC-1	179	134	136	-9	264	266	-9	284	292	296	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	160	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_3_5_C03_RepS2P3_PHCA_66.fsa	
430	PHCA67F				EC-1	179	134	136	-9	264	266	-9	284	292	296	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	160	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_3_5_D03_RepS2P3_PHCA_67.fsa	
431	PHCA68F				EC-1	153	136	138	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_3_5_E03_RepS2P3_PHCA_68.fsa	
432	PHCA69F				EC-1	184	134	136	-9	264	266	-9	284	294	-9	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_3_5_F03_RepS2P3_PHCA_69.fsa	
433	PHCA70F				EC-1	179	134	136	-9	264	266	-9	284	292	296	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	160	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_3_5_G03_RepS2P3_PHCA_70.fsa	
434	PHCA117A	R		Ila	EC-1	145	136	138	-9	264	266	-9	284	292	296	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_3_1_A03_RepS1P1_PHCA117.fsa	
435	PHCA118A	R		Ila	EC-1	144	136	138	-9	264	266	-9	284	292	296	160	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_3_1_B03_RepS1P1_PHCA118.fsa
436	PHCA119A	R		Ila	EC-1	179	134	136	-9	264	266	-9	284	292	296	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	160	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_3_1_C03_RepS1P1_PHCA119.fsa	
437	PHCA120A	R		Ila	EC-1	146	136	138	-9	264	266	-9	284	292	296	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	173	-9	204	207	217	CIP_microsat_3_1_D03_RepS1P1_PHCA120.fsa	
438	PHCA72F				EC-1	157	136	140	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	270	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_3_5_A04_RepS2P3_PHCA_72.fsa	
439	PHCA73F				EC-1	145	136	138	-9	264	266	-9	284	292	296	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_3_5_B04_RepS2P3_PHCA_73.fsa	
440	PHCA74F			Ila	EC-1	153	136	138	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_3_5_C04_RepS2P3_PHCA_74.fsa	
441	PHCA75F				EC-1	157	136	140	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	270	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_3_5_D04_RepS2P3_PHCA_75.fsa	
442	PHCA121A	R		Ila	EC-1	153	136	138	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_3_1_H12_PHCA121.fsa	
443	PHCA122A	R	1,3,4,7,10,11	Ila	EC-1	153	136	138	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_Microsat_2_F01_PHCA122.fsa	
444	PHCA125A	R		Ila	EC-1	157	136	140	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	270	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_Microsat_2_H01_PHCA125.fsa	
445	PHCA76F				EC-1	153	136	138	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_Microsat_1_F07_PHCA76.fsa	
446	PHCA77F			Ila	EC-1	86	134	136	-9	264	266	-9	284	292	302	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	CIP_microsat_2_3_B05_PHCA_77.fsa	
447	PHCA78F				EC-1	204	134	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_2_3_B05_PHCA_77.fsa	
448	PHCA123A	R	1,3,4,6,7,10,11	Ila	EC-1	147	136	138	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	154	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_Microsat_2_G01_PHCA123.fsa	
449	PAMA6A	S	7,10,11	Ila	EC-1	76	136	140	-9	264	266	-9	284	294	296	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	152	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	221	CIP_microsat_3_1_A02_RepS1P1_PAMA6.fsa	
450	PAMA7A	R		Ila	EC-1	94	140	140	-9	264	266	-9	284	292	296	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	CIP_Microsat_1_G01_PAMA7.fsa	
451	PAMA8A	R		Ila	EC-1	50	136	140	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	152	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	CIP_Microsat_1_H01_PAMA8.fsa	
452	PAMA9A	R		Ila	EC-1	131	136	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	272	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	CIP_Microsat_1_A02_PAMA9.fsa	
453	PAMA200F			Ia	PE-3	13	144	144	-9	266	266	-9	290	294	-9	166	170	-9	192	195	-9	244	244	-9	279	279	-9	160	162	-9	268	270	-9	341	355	-9	175	175	-9	205	217	-9	CIP_microsat_2_1_A01_PAMA200.fsa	
454	PAMA201F			Ila	EC-1	136	136	136	-9</																																			

Nº	Muestra	Metalaxyl	Raza Fisiológica	mtADN	Lineaje Clonal	MLG	D13-1	D13-2	D13-3	SSR8-1	SSR8-2	SSR8-3	SSR4-1	SSR4-2	SSR4-3	P104-1	P104-2	P104-3	P170-1	P170-2	P170-3	SSR6-1	SSR6-2	SSR6-3	P163-1	P163-2	P163-3	G11-1	G11-2	G11-3	SSR3_P102-1	SSR3_P102-2	SSR3_P102-3	SSR11-1	SSR11-2	SSR11-3	SSR2-1	SSR2-2	SSR2-3	P14B-1	P14B-2	P14B-3	Electroferograma
462	PAMA10A	R	1,3,4,7,11	lla	EC-1	114	136	138	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	CIP_Microsat_1_B02_PAMA10.fsa
463	PAMA11A	R		lla	EC-1	136	136	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	CIP_Microsat_1_C02_PAMA11.fsa
464	PAMA12A	R	1,2,3,4,5,6,7,9,10,11	lla	EC-1	95	140	140	-9	264	266	-9	284	292	296	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	154	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	CIP_infestans_plate_4_2_D03_RepS1P1_PAMA12.fsa
465	PAMA13A	S		lla	EC-1	68	132	140	-9	264	266	-9	284	294	296	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	266	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	221	CIP_Microsat_1_E02_PAMA13.fsa
466	PAMA205F				PE-3	24	144	144	-9	266	266	-9	290	294	-9	166	170	-9	192	195	-9	244	244	-9	279	279	-9	156	166	-9	268	268	-9	341	355	-9	175	175	-9	205	217	-9	CIP_microsat_2_1_F01_PAMA205.fsa
467	PAMA206F				EC-1	129	136	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	154	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	CIP_microsat_2_1_G01_PAMA206.fsa
468	PAMA207F			lla	EC-1	68	132	140	-9	264	266	-9	284	294	296	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	266	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	221	CIP_microsat_2_1_H01_PAMA207.fsa
469	PAMA208F				EC-1	69	132	140	-9	264	266	-9	284	294	296	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	154	156	-9	266	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	221	CIP_microsat_2_1_A02_PAMA208.fsa
470	PAMA209F				EC-1	93	136	136	-9	264	266	-9	284	292	296	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	CIP_microsat_2_1_B02_PAMA209.fsa
471	PAMA210F				EC-1	114	136	138	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	CIP_microsat_2_1_C02_PAMA210.fsa
472	PAMA211F				EC-1	68	132	140	-9	264	266	-9	284	294	296	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	221	CIP_microsat_2_1_D02_PAMA211.fsa
473	PAMA212F			lla	EC-1	60	136	146	148	264	266	-9	284	294	296	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	-9	-9	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	221	CIP_Microsat_2_F07_PAMA212.fsa
474	PAMA220F				EC-1	68	132	140	-9	264	266	-9	284	294	296	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	266	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	221	CIP_microsat_2_1_C03_PAMA220.fsa
475	PAMA221F				PE-3	2	150	152	-9	266	266	-9	290	298	-9	166	170	-9	192	195	-9	244	244	-9	279	279	-9	154	156	-9	268	270	-9	341	355	-9	175	175	-9	205	217	-9	CIP_microsat_2_1_D03_PAMA221.fsa
476	PAMA222F				PE-3	12	142	144	-9	266	266	-9	290	294	-9	166	170	-9	192	195	-9	244	244	-9	279	279	-9	156	162	-9	268	268	-9	341	355	-9	175	175	-9	205	217	-9	CIP_microsat_2_1_E03_PAMA222.fsa
477	PAMA223F				EC-1	72	136	140	-9	264	266	-9	284	296	-9	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	221	CIP_microsat_2_1_F03_PAMA223.fsa
478	PAMA224F			lla	EC-1	73	136	140	-9	264	266	-9	284	296	298	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	221	CIP_microsat_2_1_G03_PAMA224.fsa
479	PAMA16A	R	1,3,4,7,10,11	la	PE-3	24	144	144	-9	266	266	-9	290	294	-9	166	170	-9	192	195	-9	244	244	-9	279	279	-9	156	166	-9	268	268	-9	341	355	-9	175	175	-9	205	217	-9	CIP_Microsat_1_H02_PAMA16.fsa
480	PAMA213F				PE-3	26	142	142	-9	264	266	-9	290	294	-9	166	170	-9	192	195	-9	244	244	-9	279	279	-9	156	166	-9	268	268	-9	341	355	-9	175	175	-9	205	217	-9	CIP_microsat_2_1_E02_PAMA213.fsa
481	PAMA214F				PE-3	6	142	142	-9	266	266	-9	288	292	-9	166	170	-9	192	195	-9	244	244	-9	279	279	-9	156	166	-9	268	268	-9	341	355	-9	175	175	-9	205	217	-9	CIP_microsat_3_4_C04_RepS1P3_PAMA214.fsa
482	PAMA215F				PE-3	22	146	146	-9	266	266	-9	290	294	-9	166	170	-9	192	195	-9	244	244	-9	279	279	-9	156	162	-9	268	268	-9	341	355	-9	175	175	-9	205	217	-9	CIP_microsat_3_4_D04_RepS2P1_PAMA215.fsa
483	PAMA14A	S		la	PE-3	14	144	144	-9	266	266	-9	290	294	-9	166	170	-9	192	195	-9	244	244	-9	279	279	-9	156	162	-9	268	270	-9	341	355	-9	175	175	-9	205	217	-9	CIP_microsat_3_2_A02_RepS1P1_PAMA14.fsa
484	PAMA15A	R	1,3,4,7,10,11	la	PE-3	28	142	146	-9	266	266	-9	290	294	-9	166	170	-9	192	195	-9	244	244	-9	279	279	-9	156	166	-9	268	268	-9	341	355	-9	175	175	-9	205	217	-9	CIP_Microsat_1_G02_PAMA15.fsa
485	PAMA225F			lla	EC-1	67	140	142	144	264	266	-9	284	294	-9	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	221	CIP_microsat_2_1_H03_PAMA225.fsa
486	PAMA226F				EC-1	75	136	140	-9	264	266	-9	284	294	296	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	329	331	355	173	175	-9	204	213	221	CIP_microsat_2_1_A04_PAMA226.fsa
487	PAMA227F			lla	EC-1	74	136	138	140	264	266	-9	284	294	296	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	221	CIP_Microsat_1_H07_PAMA227.fsa
488	PAMA228F				PE-3	30	142	142	-9	266	266	-9	290	294	-9	166	170	-9	192	195	-9	244	244	-9	279	279	-9	156	166	-9	268	268	-9	341	355	-9	175	175	-9	205	217	-9	CIP_microsat_2_1_B04_PAMA228.fsa
489	PAMA17A	R	1,7	lla	EC-1	93	136	136	-9	264	266	-9	284	292	296	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	CIP_Microsat_1_A03_PAMA17.fsa
490	PAMA229F				EC-1	71	140	140	-9	264	266	-9	284	294	296	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	221	CIP_microsat_2_1_C04_PAMA229.fsa
491	PAMA230F				EC-1	136	136	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	CIP_microsat_2_1_D04_PAMA230.fsa
492	PAMA231F				EC-1	136	136	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	CIP_microsat_2_1_C03_PAMA231.fsa
493	PAMA18A	R	1,7	lla	EC-1	136	136	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	CIP_Microsat_1_B03_PAMA18.fsa
494	PAMA232F			la	PE-3	8	142	142	-9	266	266	-9	288	294	-9	166	170	-9	192	195	-9	244	244	-9	279	279	-9	156	166	-9	268	268	-9	329	341	355	175	175	-9	205	217	-9	CIP_microsat_2_1_F04_PAMA232.fsa
495	PAMA233F				PE-3	24	144	144	-9	266	266	-9	290	294	-9	166	170	-9	192	195	-9	244	244	-9	279	279	-9	156	166	-9	268	268	-9	341	355	-9	175	175	-9	205	217	-9	CIP_microsat_2_1_G04_PAMA233.fsa
496	PAMA234F			lla	EC-1	92	136	142	-9	264	266	-9	284	292	296	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	-9	-9	-9	156	156	-9	268												

N°	Muestra	Metalaxyl	Raza Fisiológica	mtADN	Linaje Clonal	MLG	D13-1	D13-2	D13-3	SSR-1	SSR-2	SSR-3	SSR-4-1	SSR-4-2	SSR-4-3	PI04-1	PI04-2	PI04-3	PI70-1	PI70-2	PI70-3	SSR6-1	SSR6-2	SSR6-3	PI63-1	PI63-2	PI63-3	G11-1	G11-2	G11-3	SSR3_P102-1	SSR3_P102-2	SSR3_P102-3	SSR11-1	SSR11-2	SSR11-3	SSR2-1	SSR2-2	SSR2-3	PI4B-1	PI4B-2	PI4B-3	Electroferograma
505	PAMA31A	R	1,3,4,6,7,10,11	Ila	EC-1	129	136	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	154	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	CIP_microsat_2_5_F01_PAMA31.fsa
506	PAMA34A	M	1,3,4,5,7,10,11	Ia	PE-3	22	146	146	-9	266	266	-9	290	294	-9	166	170	-9	192	195	-9	244	244	-9	279	279	-9	156	162	-9	268	268	-9	341	355	-9	175	175	-9	205	217	-9	CIP_infestans_plate_4_2_E06_PAMA34FTA.fsa
507	PAMA23F				EC-1	93	136	136	-9	264	266	-9	284	292	296	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	CIP_microsat_4_G09_PAMA_23.fsa
508	PAMA24F			Ia	PE-3	20	146	148	-9	266	266	-9	290	294	-9	166	170	-9	192	195	-9	244	244	-9	279	279	-9	156	162	-9	268	268	-9	341	355	-9	175	175	-9	205	217	-9	CIP_microsat_4_H09_PAMA_24.fsa
509	PAMA29F			Ia	PE-3	5	140	140	-9	266	266	-9	288	296	-9	166	170	-9	192	195	-9	244	244	-9	279	279	-9	156	166	-9	268	268	-9	341	355	-9	175	175	-9	205	217	-9	CIP_microsat_4_D10_PAMA_29.fsa
510	PAMA30F			Ila	EC-1	136	136	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	CIP_microsat_4_E10_PAMA_30.fsa
511	PAMA25A	R	1,3,4,6,7,10,11	Ia	PE-3	15	146	146	-9	266	266	-9	290	296	-9	166	170	-9	192	195	-9	244	244	-9	279	279	-9	156	166	-9	268	268	-9	341	355	-9	175	175	-9	205	217	-9	CIP_microsat_3_1_D05_RepS2P5_PAMA25.fsa
512	PAMA26A	M	1,3,4,7,8,10,11	Ila	EC-1	77	136	140	-9	264	266	-9	284	294	296	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	221	CIP_microsat_3_1_E05_RepS2P5_PAMA26.fsa
513	PAMA32A	S	1,3,4,7,10,11	Ila	EC-1	77	136	140	-9	264	266	-9	284	294	296	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	221	CIP_microsat_2_5_G01_PAMA32.fsa
514	PAMA25F			Ia	PE-3	15	146	146	-9	266	266	-9	290	296	-9	166	170	-9	192	195	-9	244	244	-9	279	279	-9	156	166	-9	268	268	-9	341	355	-9	175	175	-9	205	217	-9	CIP_microsat_4_A10_PAMA_25.fsa
515	PAMA26F				EC-1	74	136	138	140	264	266	-9	284	294	296	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	221	CIP_infestans_plate_4_3_A03_PAMA_26_FTA5.fsa
516	PAMA27A	R	1,3,4,7,10,11	Ia	PE-3	25	142	142	-9	266	266	-9	284	290	294	166	170	-9	192	195	-9	244	244	-9	279	279	-9	156	166	-9	268	268	-9	341	355	-9	175	175	-9	205	217	-9	CIP_microsat_2_5_D01_PAMA27.fsa
517	PAMA28A	R	1,3,4,5,7,10,11	Ila	EC-1	136	136	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	CIP_microsat_3_1_G05_RepS2P5_PAMA28.fsa
518	PAMA27F				PE-3	30	142	142	-9	266	266	-9	290	294	-9	166	170	-9	192	195	-9	244	244	-9	279	279	-9	156	166	-9	268	268	-9	341	355	-9	175	175	-9	205	217	-9	CIP_microsat_3_1_F05_RepS2P5_PAMA27.fsa
519	PAMA28F				EC-1	136	136	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	CIP_microsat_4_C10_PAMA_28.fsa
520	PCZ188A	R	1,3,4,7,10,11	Ila	EC-1	97	132	136	-9	264	266	-9	284	292	296	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	CIP_microsat_2_5_H01_PCZ188.fsa
521	PCZ189A	R	1,3,4,6,7,10,11	Ila	EC-1	97	132	136	-9	264	266	-9	284	292	296	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	CIP_microsat_2_5_A02_PCZ189.fsa
522	PCZ191A	R	1,3,4,7,10,11	Ila	EC-1	40	132	140	-9	264	266	-9	286	290	304	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	CIP_microsat_2_5_B02_PCZ191.fsa
523	PCZ192A	R	1,3,4,7,10,11	Ila	EC-1	40	132	140	-9	264	266	-9	286	290	304	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	CIP_microsat_2_5_C02_PCZ192.fsa
524	PCZ188F				EC-1	97	132	136	-9	264	266	-9	284	292	296	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	CIP_infestans_plate_4_3_E03_RepS2P4_PCZ_188.fsa
525	PCZ189F				EC-1	102	134	136	-9	264	266	-9	284	292	296	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	CIP_microsat_4_G10_PCZ_189.fsa
526	PCZ190F				EC-1	40	132	140	-9	264	266	-9	286	290	304	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	CIP_infestans_plate_4_3_G03_RepS2P4_PCZ_190.fsa
527	PCZ191F				EC-1	41	132	140	-9	264	266	-9	286	290	304	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	-9	-9	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	CIP_infestans_plate_4_3_H03_RepS2P4_PCZ_191.fsa
528	PCZ192F				EC-1	40	132	140	-9	264	266	-9	286	290	304	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	CIP_infestans_plate_4_3_A04_PCZ_192_FTA5.fsa
529	PCZ193F				EC-1	41	132	140	-9	264	266	-9	286	290	304	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	-9	-9	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	CIP_infestans_plate_4_3_B04_RepS2P4_PCZ_193.fsa
530	PCZ196A	R	1,3,4,7,10,11	Ila	EC-1	97	132	136	-9	264	266	-9	284	292	296	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	CIP_microsat_2_5_D02_PCZ196.fsa
531	PCZ199A	R	1,3,4,5,7,8,10,11	Ila	EC-1	97	132	136	-9	264	266	-9	284	292	296	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	CIP_microsat_2_5_E02_PCZ199.fsa
532	PCZ228A	R		Ila	EC-1	56	134	136	-9	264	266	-9	284	294	296	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	CIP_microsat_3_1_C06_RepS2P5_PCZ228.fsa
533	PCZ195F				EC-1	91	136	138	-9	264	266	-9	284	292	296	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	CIP_microsat_4_D11_PCZ_195.fsa
534	PCZ196F				EC-1	97	132	136	-9	264	266	-9	284	292	296	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204			

N°	Muestra	Metalaxyl	Raza Fisiológica	mtADN	Linaje Clonal	MLG	D13-1	D13-2	D13-3	SSR8-1	SSR8-2	SSR8-3	SSR4-1	SSR4-2	SSR4-3	PI04-1	PI04-2	PI04-3	PI70-1	PI70-2	PI70-3	SSR6-1	SSR6-2	SSR6-3	PI63-1	PI63-2	PI63-3	G11-1	G11-2	G11-3	SSR3_Pi02-1	SSR3_Pi02-2	SSR3_Pi02-3	SSR11-1	SSR11-2	SSR11-3	SSR2-1	SSR2-2	SSR2-3	PI4B-1	PI4B-2	PI4B-3	Electroferograma	
548	PCZ210A	R	1,3,4,7,10,11	Ila	EC-1	102	134	136	-9	264	266	-9	284	292	296	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	CIP_microsat_2_5_H02_PCZ210.fsa	
549	PCZ214A	R	1,3,4,7,10,11	Ila	EC-1	102	134	136	-9	264	266	-9	284	292	296	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	CIP_microsat_3_1_H05_RepS2P5_PCZ214.fsa	
550	PCZ207F				EC-1	104	134	136	-9	264	266	-9	284	292	296	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	266	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	CIP_microsat_infest_4_1_F02_PCZ_207.fsa	
551	PCZ208F				EC-1	99	134	136	-9	264	266	-9	284	292	296	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	-9	-9	-9	156	160	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	CIP_microsat_infest_4_1_G02_PCZ_208.fsa	
552	PCZ209F				EC-1	106	134	136	-9	264	266	-9	284	292	296	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	158	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	CIP_microsat_infest_4_1_H02_PCZ_209.fsa	
553	PCZ210F				EC-1	45	134	136	-9	264	266	-9	284	292	296	166	170	-9	192	195	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	272	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	CIP_microsat_3_3_A03_PCZ_210.fsa	
554	PCZ211F				EC-1	123	132	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	CIP_microsat_infest_4_1_B03_PCZ_211.fsa	
555	PCZ212F				EC-1	103	134	136	-9	264	266	-9	284	292	296	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	173	-9	204	213	217	CIP_microsat_infest_4_1_C03_PCZ_212.fsa	
556	PCZ213F				EC-1	102	134	136	-9	264	266	-9	284	292	296	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	CIP_microsat_infest_4_1_D03_PCZ_213.fsa	
557	PCZ214F				EC-1	102	134	136	-9	264	266	-9	284	292	296	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	CIP_microsat_3_3_E03_PCZ_214.fsa	
558	PCZ216A	R	1,2,3,4,7,9,10,11	Ila	EC-1	102	134	136	-9	264	266	-9	284	292	296	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	CIP_microsat_3_1_A06_RepS2P5_PCZ216.fsa	
559	PCZ215F				EC-1	102	134	136	-9	264	266	-9	284	292	296	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	CIP_microsat_infest_4_1_F03_PCZ_215.fsa	
560	PCZ216F				EC-1	100	134	136	-9	264	266	-9	284	292	296	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	273	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	329	331	355	173	175	-9	204	213	217	CIP_microsat_infest_4_1_G03_PCZ_216.fsa	
561	PCZ217F				EC-1	102	134	136	-9	264	266	-9	284	292	296	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	CIP_microsat_infest_4_1_H03_PCZ_217.fsa	
562	PCZ220A	R	1,3,4,7,10,11	Ila	EC-1	56	134	136	-9	264	266	-9	284	294	296	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	CIP_microsat_3_1_B06_RepS2P5_PCZ220.fsa	
563	PCZ218F				EC-1	57	134	136	-9	264	266	-9	284	294	296	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	-9	-9	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	CIP_microsat_infest_4_1_A04_pcz218.fsa	
564	PCZ219F				EC-1	56	134	136	-9	264	266	-9	284	294	296	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	CIP_microsat_infest_4_1_B04_PCZ_219.fsa	
565	PCZ220F				EC-1	57	134	136	-9	264	266	-9	284	294	296	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	-9	-9	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	CIP_microsat_infest_4_1_C04_PCZ_220.fsa	
566	PCZ221F				EC-1	57	134	136	-9	264	266	-9	284	294	296	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	-9	-9	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	CIP_microsat_infest_4_1_D04_PCZ_221.fsa	
567	PCZ222F				EC-1	55	134	136	-9	264	266	-9	284	294	296	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	-9	-9	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	173	-9	204	213	217	CIP_microsat_infest_4_1_E04_PCZ222_FTA1.fsa	
568	PCZ224F				EC-1	163	134	134	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_3_3_E04_PCZ_224.fsa	
569	PCZ227A	R	1,3,4,5,7,10,11	Ila	EC-1	56	134	136	-9	264	266	-9	284	294	296	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	CIP_microsat_3_1_D06_RepS2P5_PCZ227.fsa	
570	PCZ226F				EC-1	47	134	136	-9	264	266	-9	284	292	296	166	170	-9	192	195	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	341	355	-9	173	175	-9	204	213	217	CIP_microsat_3_1_A04_PCZ_226.fsa	
571	PCZ230A	R	1,3,4,7,10,11	Ila	EC-1	180	134	136	-9	264	266	-9	284	292	296	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_2_5_G03_PCZ230.fsa	
572	PCO101A	R	1,3,4,5,6,7,8,10,11	Ila	EC-1	204	134	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_2_5_H03_PCO101.fsa	
573	PJU15F				Ila	EC-1	204	134	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_infest_4_1_D05_PJU_15.fsa
574	PCO102A	R			Ila	EC-1	204	134	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_2_5_A04_PC0102.fsa
575	PJU16F				EC-1	152	132	136	138	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	173	-9	204	207	217	CIP_microsat_infest_4_1_E05_PJU_16.fsa	
576	PCO103A	R	1,3,4,5,6,7,8,10,11	Ila	EC-1	161	134	140	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_2_5_B04_PCO103.fsa	
577	PCO104A	R			Ila	EC-1	153	136	138	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_2_5_C04_PCO104.fsa
578	PCO105A	R			Ila	EC-1	204	134	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_2_5_D04_PCO105.fsa
579	PCO106A	R			Ila	EC-1	204	134	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_3_1_E06_RepS2P5_PCO106.fsa
580	PCO107A	R			Ila	EC-1	204	134	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_2_5_F04_PCO107.fsa
581	PCO108A	R			Ila	EC-1	147	136	138	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	154	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	

Nº	Muestra	Metalaxyl	Raza Fisiológica	mtADN	Linaje Clonal	MLG	D13-1	D13-2	D13-3	SSR8-1	SSR8-2	SSR8-3	SSR4-1	SSR4-2	SSR4-3	PI04-1	PI04-2	PI04-3	PI70-1	PI70-2	PI70-3	SSR6-1	SSR6-2	SSR6-3	PI63-1	PI63-2	PI63-3	G11-1	G11-2	G11-3	SSR3_PI02-1	SSR3_PI02-2	SSR3_PI02-3	SSR11-1	SSR11-2	SSR11-3	SSR2-1	SSR2-2	SSR2-3	PI4B-1	PI4B-2	PI4B-3	Electroferograma
590	PJU21F				EC-1	204	134	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_infest_4_1_B06_PJU_21.fsa
591	PJU22F				EC-1	204	134	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_infest_4_1_C06_PJU_22.fsa
592	PJU23F				EC-1	204	134	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_infest_4_1_D06_PJU_23.fsa
593	PJU24F				EC-1	205	134	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	-9	-9	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_infest_4_1_E06_PJU_24.fsa
594	PJU25F				EC-1	187	134	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	-9	-9	-9	156	156	-9	268	272	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_infest_4_1_F06_PJU_25.fsa
595	PJU26F				EC-1	202	134	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	173	-9	204	207	217	CIP_microsat_infest_4_1_G06_PJU_26.fsa
596	PJU27F				EC-1	204	134	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_infest_4_1_H06_PJU_27.fsa
597	PCO113A	R		lla	EC-1	198	134	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	201	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_2_5_D05_PCO113.fsa
598	PCO114A	R	1,3,4,7,10,11	lla	EC-1	204	134	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_2_5_E05_PCO114.fsa
599	PCO115A	R	1,3,4,7,10	lla	EC-1	107	134	136	-9	264	266	-9	284	292	296	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	158	-9	266	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	CIP_microsat_2_5_F05_PCO115.fsa
600	PCO116A	R	1,3,4,7,10,11	lla	EC-1	204	134	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_2_5_G05_PCO116.fsa
601	PCO117A	R	1,3,4,5,7,10,11	lla	EC-1	161	134	140	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_2_5_H05_PCO117.fsa
602	PCO118A	R	1,3,4,7,10,11	lla	EC-1	180	134	136	-9	264	266	-9	284	292	296	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_2_5_A06_PCO118.fsa
603	PJU28F				EC-1	180	134	136	-9	264	266	-9	284	292	296	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_infest_4_1_A07_PJU_28.fsa
604	PJU29F				EC-1	205	134	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	-9	-9	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_infest_4_1_B07_PJU_29.fsa
605	PJU30F				EC-1	205	134	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	-9	-9	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_infest_4_1_C07_PJU_30.fsa
606	PJU31F				EC-1	204	134	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_infest_4_1_D07_PJU_31.fsa
607	PJU32F				EC-1	205	134	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	-9	-9	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_infestans_plate_4_3_C05_Reps1P3_PJU32.fsa
608	PJU33F				EC-1	204	134	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	
609	PCO131A	M		lla	EC-1	204	134	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_2_5_F07_PCO131.fsa
610	PJU34F				EC-1	204	134	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_infest_4_1_F07_PJU_34.fsa
611	PJU35F				EC-1	192	134	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	154	160	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_infest_4_1_G07_PJU_35.fsa
612	PCO119A	R	1,3,4,6,7,10,11	lla	EC-1	204	134	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_2_5_B06_PCO119.fsa
613	PCO120A	R	1,3,4,7,10,11	lla	EC-1	184	134	136	-9	264	266	-9	284	294	-9	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_2_5_C06_PCO120.fsa
614	PCO121A	R	1,3,4,6,7,10,11	lla	EC-1	177	134	140	-9	264	266	-9	284	292	296	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_2_5_D06_PCO121.fsa
615	PCO122A	R		lla	EC-1	174	134	136	-9	264	266	-9	284	292	-9	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_2_5_E06_PCO122.fsa
616	PCO124A	R		lla	EC-1	204	134	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_2_5_G06_PCO124.fsa
617	PCO123A	M	1,3,4,7,10,11	lla	EC-1	196	134	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	154	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_2_5_F06_PCO123.fsa
618	PJU36F				EC-1	204	134	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_infest_4_1_H07_PJU_36.fsa
619	PJU37F				EC-1	204	134	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_infest_4_1_A08_PJU_37.fsa
620	PJU38F				EC-1	180	134	136	-9	264	266	-9	284	292	296	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_infest_4_1_B08_PJU_38.fsa
621	PJU39F				EC-1	204	134	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_infest_4_1_C08_PJU_39.fsa
622	PJU40F				EC-1	204	134	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_infest_4_1_D08_PJU_40.fsa
623	PJU41F				EC-1	184	134	136	-9	264	266	-9	284	294	-9	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_infest_4_1_E08_PJU_41.fsa
624	PJU42F				EC-1	177	134	140	-9	264	266	-9	284	292</																													

Nº	Muestra	Metalaxyl	Raza Fisiológica	mtADN	Linaje Clonal	MLG	D13-1	D13-2	D13-3	SSR8-1	SSR8-2	SSR8-3	SSR4-1	SSR4-2	SSR4-3	P104-1	P104-2	P104-3	P170-1	P170-2	P170-3	SSR6-1	SSR6-2	SSR6-3	P163-1	P163-2	P163-3	G11-1	G11-2	G11-3	SSR3_P102-1	SSR3_P102-2	SSR3_P102-3	SSR11-1	SSR11-2	SSR11-3	SSR2-1	SSR2-2	SSR2-3	P14B-1	P14B-2	P14B-3	Electroferograma			
632	PJU46F				EC-1	205	134	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	-9	-9	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_infest_4_1_B09_PJU_46.fsa			
633	PJU47F				EC-1	186	134	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	-9	-9	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	CIP_Microsat_2_F12_PJU47.fsa
634	PJU48F				EC-1	205	134	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	-9	-9	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_infest_4_1_C09_PJU_48.fsa			
635	PJU49F				EC-1	204	134	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_infest_4_1_D09_PJU_49.fsa			
636	PJU50F				EC-1	205	134	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	-9	-9	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_infest_4_1_E09_PJU_50.fsa			
637	PCO129A	R	1,3,4,7,10,11		lla	204	134	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_2_5_D07_PCO129.fsa			
638	PCO130A	R			lla	204	134	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_2_5_E07_PCO130.fsa			
639	PJU51F				EC-1	204	134	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_infest_4_1_F09_PJU_51.fsa			
640	PJU52F				EC-1	154	136	138	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	-9	-9	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_infest_4_1_G09_PJU_52.fsa			
641	PJU53F				EC-1	204	134	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_infest_4_1_H09_PJU_53.fsa			
642	PCO132A	R	1,3,4,6,7,8,10,11		lla	EC-1	87	134	136	-9	264	266	-9	284	290	304	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	270	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	CIP_microsat_2_5_G07_PCO132.fsa		
643	PJU55F				EC-1	205	134	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	-9	-9	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_infest_4_1_B10_PJU_55.fsa			
644	PJU56F				EC-1	204	134	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_infest_4_1_A10_PJU_56.fsa			
645	PJU21A	R	1,3,4,7,10,11		lla	EC-1	87	134	136	-9	264	266	-9	284	290	304	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	266	268	270	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	CIP_microsat_3_1_F06_RepS2P5_PJU21.fsa		
646	PJU22A	R	1,3,4,6,7,10,11		lla	EC-1	174	134	136	-9	264	266	-9	284	292	-9	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_2_5_A08_PJU22.fsa		
647	PJU23A	R	1,3,4,5,7,10,11		lla	EC-1	174	134	136	-9	264	266	-9	284	292	-9	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_2_5_B08_PJU23.fsa		
648	PJU24A	R	1,3,4,7,8,10,11		lla	EC-1	174	134	136	-9	264	266	-9	284	292	-9	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_3_1_H04_PJU24.fsa		
649	PJU25A	R	1,3,4,6,7,8,10,11		lla	EC-1	204	134	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_2_5_C08_PJU25.fsa		
650	PJU57F				EC-1	84	128	136	-9	264	266	-9	284	292	300	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	266	268	272	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	CIP_microsat_3_3_C10_PJU_57.fsa			
651	PJU58AF				EC-1	84	128	136	-9	264	266	-9	284	292	300	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	266	268	272	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	CIP_microsat_infest_4_1_D10_PJU_58A.fsa			
652	PJU58BF				EC-1	175	134	136	-9	264	266	-9	284	292	-9	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	-9	-9	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_infest_4_1_E10_PJU_58B.fsa			
653	PJU59F				EC-1	171	134	136	-9	264	266	-9	284	292	302	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_infest_4_1_F10_PJU_59.fsa			
654	PJU60F				EC-1	173	134	136	-9	264	266	-9	284	292	-9	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	-9	-9	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	CIP_microsat_infest_4_1_G12_PJU60.fsa
655	PJU61F				EC-1	175	134	136	-9	264	266	-9	284	292	-9	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	-9	-9	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_infest_4_1_G10_PJU_61.fsa			
656	PJU62F				EC-1	174	134	136	-9	264	266	-9	284	292	-9	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_infest_4_1_H10_PJU_62.fsa			
657	PJU36A	M			lla	EC-1	174	134	136	-9	264	266	-9	284	292	-9	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_infestans_plate_4_2_F06_PJU36FTA.fsa		
658	PJU63F				lla	EC-1	195	134	136	-9	264	266	-9	284	292	-9	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_infest_4_1_A11_PJU_63.fsa		
659	PJU64F				EC-1	174	134	136	-9	264	266	-9	284	292	-9	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_infest_4_1_B11_PJU_64.fsa			
660	PJU26A	R	1,3,4,7,10,11		lla	EC-1	196	134	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	154	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_2_5_D08_PJU26.fsa		
661	PJU27A	R	1,3,4,5,6,7,8,10,11		lla	EC-1	200	134	136	-9	264	266	-9	284	292	294	160	166	170	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	173	-9	204	207	217	CIP_infestans_plate_4_2_G01_RepS2P5_PJU27.fsa		
662	PJU28A	R</																																												

N°	Muestra	Metalaxyl	Raza Fisiológica	mtADN	Linaje Clonal	MLG	D13-1	D13-2	D13-3	SSR8-1	SSR8-2	SSR8-3	SSR4-1	SSR4-2	SSR4-3	PI04-1	PI04-2	PI04-3	PI70-1	PI70-2	PI70-3	SSR6-1	SSR6-2	SSR6-3	PI63-1	PI63-2	PI63-3	G11-1	G11-2	G11-3	SSR3_P102-1	SSR3_P102-2	SSR3_P102-3	SSR11-1	SSR11-2	SSR11-3	SSR2-1	SSR2-2	SSR2-3	PI4B-1	PI4B-2	PI4B-3	Electroferograma			
674	PJU72F			IIa	EC-1	204	134	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_infest_4_1_B12_PJU_72.fsa			
675	PJU33A	R	1,3,4,5,7,8,10,11	IIa	EC-1	204	134	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	213	CIP_infestans_plate_4_2_A02_RepS2P5_PJU33.fsa			
676	PJU73F				EC-1	205	134	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	-9	-9	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_infest_4_1_C12_PJU_73.fsa			
677	PJU34A	R	1,3,4,5,6,7,10,11	IIa	EC-1	199	134	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	264	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_infestans_plate_4_2_B02_RepS2P5_PJU34.fsa			
678	PJU35A	R	1,3,4,7,10,11	IIa	EC-1	204	134	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_infestans_plate_4_2_C02_RepS2P5_PJU35.fsa			
679	PPI83A	R	1,3,4,5,6,7,10,11	IIa	EC-1	120	132	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	329	331	355	173	175	-9	204	213	217	CIP_infestans_plate_4_2_D05_PPI83FTA.fsa			
680	PPI84F				EC-1	123	132	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	CIP_infestans_plate_4_2_E04_PPI84.fsa			
681	PPI85A	R		IIa	EC-1	136	136	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	CIP_microsat_2_5_F09_PPI85.fsa			
682	PPI86A	R	1,3,4,6,7,8,10,11	IIa	EC-1	121	132	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	266	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	CIP_microsat_3_1_G01_PPI86ADN.fsa			
683	PPI87F				EC-1	136	136	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	CIP_infestans_plate_4_2_F04_PPI87.fsa			
684	PPI88A	R	1,3,4,5,7,10,11	IIa	EC-1	136	136	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	CIP_infestans_plate_4_2_D02_RepS2P5_PPI88.fsa			
685	PPI89F				EC-1	136	136	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	CIP_microsat_3_4_C02_PPI89.fsa			
686	PPI90A	R	1,3,4,5,6,7,8,10,11	IIa	EC-1	136	136	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	CIP_microsat_2_5_H09_PPI90.fsa			
687	PPI92F				EC-1	116	136	136	-9	266	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	CIP_infestans_plate_4_2_G04_PPI92.fsa			
688	PPI91A	R		IIa	EC-1	136	136	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	CIP_infestans_plate_4_2_E02_RepS2P5_PPI91.fsa			
689	PPI93A	R	1,3,4,5,7,10,11	IIa	EC-1	136	136	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	CIP_infestans_plate_4_2_F02_RepS2P5_PPI93.fsa			
690	PPI94F				EC-1	117	136	136	-9	260	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	CIP_microsat_3_4_E02_PPI94.fsa			
691	PPI95A	R		IIa	EC-1	123	132	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	CIP_microsat_3_1_A08_RepS2P5_PPI95.fsa			
692	PPI96A	R	1,3,4,5,7,10,11	IIa	EC-1	109	136	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	-9	-9	-9	-9	-9	-9	CIP_microsat_3_1_B08_RepS2P5_PPI96.fsa
693	PPI97A	R	1,3,4,5,7,10,11	IIa	EC-1	136	136	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	CIP_infestans_plate_4_2_G02_RepS2P5_PPI97.fsa			
694	PPI98A	R	1,3,4,6,7,10,11	IIa	EC-1	136	136	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	CIP_microsat_3_1_D08_RepS2P5_PPI98.fsa			
695	PPI99A	R		IIa	EC-1	136	136	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	CIP_microsat_2_5_G10_PPI99.fsa			
696	PPI100A	R	1,3,4,5,7,10,11	IIa	EC-1	135	136	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	273	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	CIP_microsat_2_5_H10_PPI100.fsa			
697	PPI101A	R	1,3,4,5,6,7,8,10,11	IIa	EC-1	132	136	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	CIP_infestans_plate_4_2_H02_RepS2P5_PPI101.fsa			
698	PPI102F				EC-1	116	136	136	-9	266	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	213	217	CIP_infestans_plate_4_2_H04_PPI102.fsa			
699	PLL68A	R	1,3,4,5,6,7,10,11	IIa	EC-1	170	134	136	-9	264	266	-9	284	292	298	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_infestans_plate_4_2_A07_PLL68FTA.fsa			
700	PLL69A	R	1,2,3,4,5,6,7,9,10,11	IIa	EC-1	204	134	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_microsat_3_1_H01_PLL69ADN.fsa			
701	PLL70A	R	1,2,3,4,6,7,11	IIa	EC-1	204	134	136	-9	264	266	-9	284	292	294	166	170	-9	192	192	-9	242	244	-9	279	279	-9	156	156	-9	268	268	-9	331	355	-9	173	175	-9	204	207	217	CIP_infestans_plate_4_2_A03_RepS2P5_PLL70.fsa			

Para acceder al electroferograma de cada muestra, dirigirse al CD adjunto. De igual manera para observar las fotografías correspondientes a la respuesta a metalaxyl, raza fisiológica (virulencia) y haplotipo mitocondrial (mtADN).