

9. ANEXO

Soluciones

Buffer TBE 1X: 100mM Tris base, 100mM Acido Bórico, 2mM EDTA

Buffer de extracción (Dellaporta, 1983): 100 mM Tris-HCl pH 8, 50 mM EDTA pH 8, 500 mM NaCl, PVP 1%, SDS 4%, β -mercaptoetanol 0,07%.

Buffer de siembra formamida: formamida 80% v/v, EDTA pH 8 10 mM, azul de bromofenol 0.3% p/v, xilen-cyanol 0.3% p/v

Solución de Nitrato de Plata: AgNO₃ 1g/lit, formaldehído 1.5 ml/lit

Solución de Carbonato de Sodio: Na₂CO₃ 30g/lit, formaldehído 1.5 ml/lit y tiosulfato de sodio 2 mg/lit

TABLA 1: Detalle del tamaño de alelos detectados en cada locus entre todas las accesiones analizadas. Alelos en común (celdas sin color); alelos exclusivos de accesiones procedentes del Noroeste Argentino (Celdas gris oscuro); alelos exclusivos de accesiones procedentes de Sudamérica (celdas gris claro).

Loc us	QAAT 074	QAAT 088	QAAT 001	QAAT 097	QAAT 076	QAAT 087	QAAT 112	QAAT 050	QAAT 027	QAAT 062	QAAT 106	KGA 03	QAAT 022	KGA 020	QGA 002	QAAT 024	QAAT 078	QAAT 084	QG A03	QCA 067	QAAT 026	QAAT 071
Alelos	167	122	130	167	142	166	185	176	147	152	282	137	135	156	162	193	178	147	129	195	151	126
	169	125	132	169	149	172	189	179	148	154	285	141	146	160	184	196	182	151	136	197	167	129
	172	128	134	170	150	174	192	184	149	155	287	146	148	162	185	199	185	156	140	202	170	132
	175	131	136	171	152	176	194	186	152	156	291	149	150	164	186	201	188	157	141	206	173	135
	178	134	141	173	154	179	195	187	154	158	293	150	154	165	188	202	191	159	145	208	176	138
	181	135	143	176	156	182	197	188	156	161	296	151	156	166	190	204	194	162	147	210	179	139
	182	137	145	179	158	184	199	189	158	164	297	153	158	168	192	207	196	165	149	212	182	140
	184	140	152	182	160	187	201	190	160	165	300	154	159	170	195	208	197	168	151	214	185	141
	185	142	154	185	161	189	203	191	161	167	302	157	160	171	197	209	200	171	153		188	143
	187	143	167	186	163	190	204	192	163	170	304	159	161	172	198	212	203	174	154		191	144
	188	144	170	187	166	193	207	193	164	173	307	161	163	174	199	214	206	177	155		194	147
	190	146	173	188	168	196	210	195	165	176	309	163	164	176	202	216	208	189	156		197	150
	193	147	174	189	169	197	212	196	166	179	312	165	165	178	204	218	210	191	157		200	153
	196	149	179	191	172	199	213	197	167	182	314	167	169	180	206	221	213		160		203	156
	199	152	180	195	175	200	215	198	168	185	316	169	171	182	208	223	215		162		206	157
	202	156	182	198	177	201	217	199	169	186	317	173	172	184		224	218		163		209	159
	204	158	185	201	178	203	219	200	170	188	319	175	174	186		226	220		164		212	161
	207	161	188	205	180	204	220	201	171	189	321	177	177	189		229	224		166		215	162
	212	164	191	207	181	205	224	202	172	191	323	179	180	191		232	230		168		220	165
	219	166	192	209	183	207	225	203	173	194	326		181	193		235	235		174		229	168
	168	194	210	186	208		204	174	196	332		183	199		238	253		177			171	
	170	196	212	189	210		205	175	197			184			241			184			174	
	173	198	215	192	213		207	177	200			187			242			189			177	

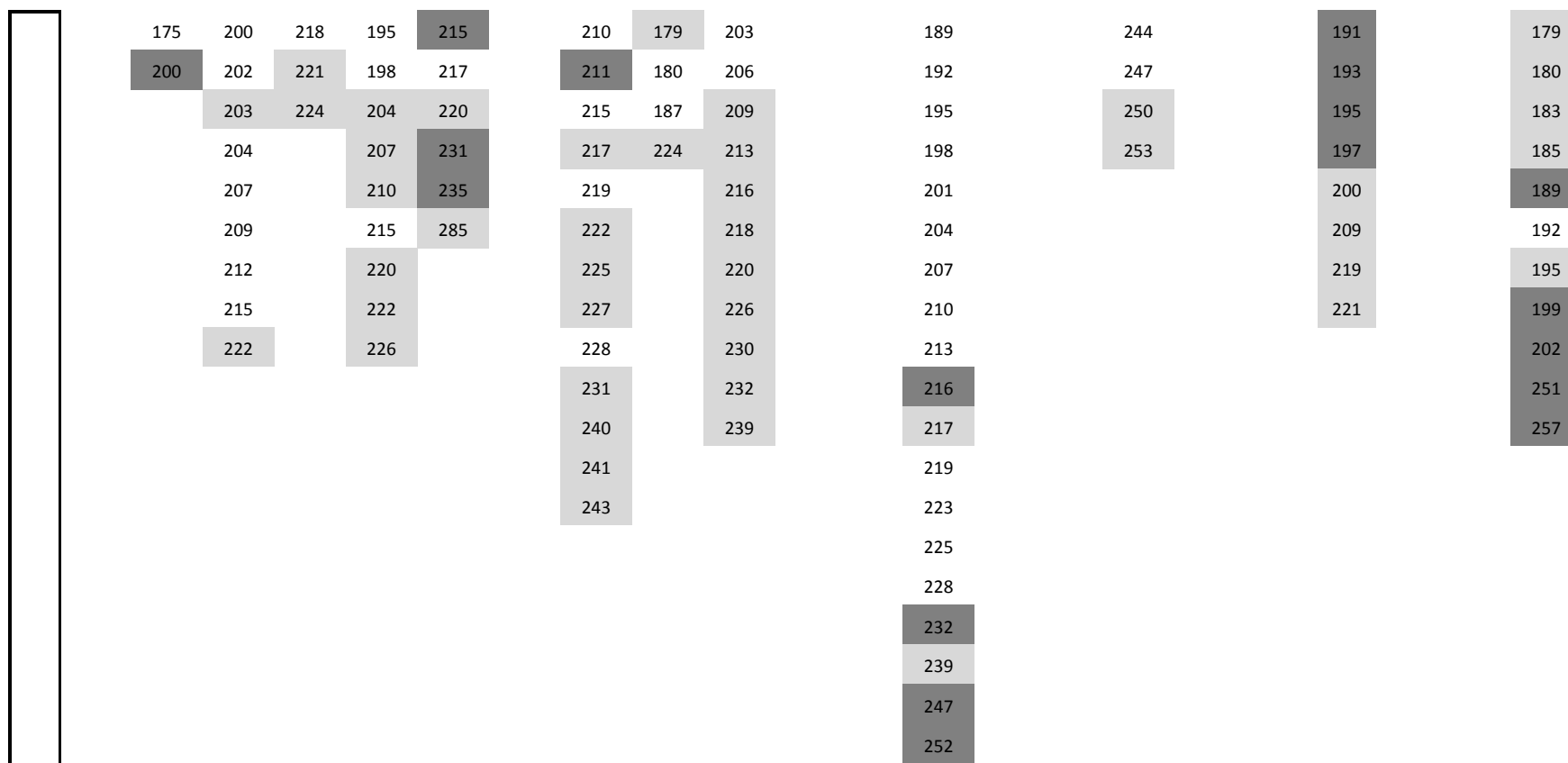


TABLA 2: Detalle de alelos privados por accesión: locus, tamaño alelos (pb), frecuencia.

Accesiones del Noroeste Argentino	Población	Locus	Alelo	Frecuencia	Población	Locus	Alelo	Frecuencia	Población	Locus	Alelo	Frecuencia	Población	Locus	Alelo	Frecuencia
	CHEN 414	QAAT097	218	0,500	CHEN 211	QAAT076	160	0,278	CHEN 252	QAAT022	247	0,056	CHEN 272	QAAT027	154	0,222
	CHEN 414	QAAT106	319	0,429	CHEN 211	QAAT024	226	0,150	CHEN 252	QAAT026	151	0,278	CHEN 272	QAAT062	194	0,050
	CHEN 414	QAAT078	253	0,333	CHEN 431	QAAT050	211	1,000	CHEN 252	QAAT026	167	0,556	CHEN 272	QAAT022	180	0,222
	CHEN 427	QAAT076	215	0,167	CHEN 432	QAAT074	178	0,333	CHEN 252	QAAT071	257	1,000	CHEN 272	KGA020	170	0,050
	CHEN 427	QAAT087	166	0,444	CHEN 432	QAAT088	122	0,150	CHEN 231	QAAT088	161	0,050	CHEN 272	QAAT078	220	0,063

	CHEN 427	QAAT027	180	0,063	CHEN 432	QAAT024	224	0,111	CHEN 184	QAAT024	193	0,200	CHEN 272	QAAT084	174	0,250
	CHEN 427	QGA002	208	0,611	CHEN 60	QAAT050	219	1,000	CHEN 184	QAAT078	235	0,333	CHEN 272	QGA03	136	0,300
	CHEN 275	QAAT097	205	0,100	CHEN 183	QAAT022	150	0,450	CHEN 184	QGA03	184	0,250	CHEN 272	QGA03	162	0,100
	CHEN 275	QAAT097	210	0,100	CHEN 269	QAAT074	167	0,100	CHEN 184	QGA03	197	0,200	CHEN 272	QGA03	166	0,050
	CHEN 275	QAAT097	212	0,300	CHEN 269	QAAT074	175	0,050	CHEN 58	QAAT027	174	0,050	CHEN 272	QAAT026	206	0,111
	CHEN 275	QAAT076	168	0,050	CHEN 269	QAAT001	170	0,050	CHEN 58	QAAT106	304	0,050	CHEN 182	QAAT074	204	0,050
	CHEN 275	QAAT050	205	0,250	CHEN 269	QAAT112	210	0,063	CHEN 58	QAAT024	244	0,111	CHEN 182	QAAT112	192	0,200
	CHEN 275	QAAT106	287	0,100	CHEN 269	QAAT050	215	0,444	CHEN 58	QGA03	189	0,050	CHEN 446	KGA03	141	0,100
	CHEN 275	QAAT024	242	0,100	CHEN 269	QAAT022	146	0,050	CHEN 468	QAAT106	302	0,100	CHEN 446	QAAT022	154	0,500
	CHEN 275	QAAT078	178	0,056	CHEN 269	QAAT022	171	0,150	CHEN 468	KGA03	167	1,000	CHEN 446	QAAT071	177	0,500
	CHEN 275	QGA03	195	0,111	CHEN 269	QAAT026	200	0,050	CHEN 256	QAAT112	215	0,150	CHEN 213	KGA020	176	1,000
	CHEN 438	QAAT001	196	0,563	CHEN 465	KGA020	199	0,222	CHEN 256	QAAT022	192	0,375	CHEN 213	QAAT078	206	0,333
	CHEN 438	QAAT087	235	0,100	CHEN 466	QGA03	174	0,100	CHEN 256	QAAT084	151	0,300	CHEN 461	QAAT026	194	0,500
	CHEN 438	QAAT050	190	1,000	CHEN 212	QAAT087	210	0,950	CHEN 256	QGA03	129	0,375	CHEN ANT	QAAT050	228	0,722
	CHEN 438	QGA03	191	0,429	CHEN 212	QAAT087	217	0,050	CHEN BL	QAAT087	200	1,000	CHEN ANT	QAAT027	160	0,150
	CHEN 482	QAAT001	174	0,250	CHEN 463	QAAT001	134	0,500	CHEN BL	QAAT071	199	0,667	CHEN ANT	QAAT022	160	0,063
	CHEN 482	QAAT087	215	0,050	CHEN 463	QAAT001	136	0,500	CHEN 422	QAAT071	189	0,625	CHEN ANT	QAAT022	181	0,125
	CHEN 482	QAAT022	148	0,278	CHEN 252	QAAT088	200	0,083	CHEN 272	QAAT076	158	0,125	CHEN ANT	QAAT022	184	0,063
	CHEN 482	KGA020	189	0,500	CHEN 252	QAAT022	232	0,611	CHEN 272	QAAT050	192	0,050	CHEN ANT	QAAT022	189	0,750
	CHEN 482	KGA020	193	0,500												
Accesiones de Sudamérica	CHEN 247	QAAT062	189	0,300	ChucD	QAAT062	226	0,375	CHEN 24	QAAT022	158	0,111	Curicó	QAAT071	143	0,200
	CHEN 247	QAAT062	196	0,050	ChucD	QAAT022	217	0,800	CHEN 25	QAAT074	182	0,722	CHEN 2	QAAT027	187	0,150
	CHEN 247	QGA03	151	0,750	ChucD	QGA002	199	0,700	CHEN 25	QAAT001	130	0,100	CHEN 2	QAAT106	285	0,050
	CHEN 247	QAAT026	170	0,050	ChucD	QAAT024	209	1,000	CHEN 25	QAAT097	221	0,100	CHEN 73	QAAT050	227	0,100
	CHEN 248	QAAT001	198	0,056	ChucD	QGA03	140	0,056	CHEN 25	QAAT097	224	0,050	CHEN 73	KGA03	154	0,100

CHEN 248	QAAT097	171	0,050	ChucD	QCA067	195	0,333	CHEN 25	QAAT062	218	0,050	CHEN 73	QGA03	160	0,056
CHEN 248	QAAT022	187	0,333	TAR1	KGA020	186	0,125	CHEN 25	QAAT062	230	0,050	CHEN 166	QAAT001	180	0,200
CHEN 248	KGA020	162	0,200	TAR1	QAAT071	179	0,300	CHEN 25	QAAT062	239	0,400	CHEN 166	QAAT001	196	0,300
CHEN 248	QGA03	156	0,750	TAR3	QAAT074	219	0,050	CHEN 25	KGA03	173	0,400	CHEN 166	QAAT097	205	0,100
CHEN 253	QAAT087	189	0,333	TAR3	QAAT112	213	0,111	CHEN 25	QAAT022	169	0,100	CHEN 166	QAAT050	215	0,250
CHEN 253	QAAT071	185	0,333	TAR3	QAAT050	191	0,056	CHEN 25	KGA020	171	0,050	CHEN 166	QAAT024	207	0,063
CHEN 339	QAAT022	213	0,100	TAR3	QAAT027	148	0,188	CHEN 50	QAAT062	220	0,500	CHEN 166	QGA03	174	0,063
CHEN 346	QAAT088	125	0,600	TAR3	QAAT062	154	0,200	CHEN 50	QAAT062	232	0,375	CHEN 3	QAAT076	142	0,056
CHEN 346	QAAT087	285	0,556	TAR3	KGA020	160	0,050	CHEN 50	QGA03	209	0,571	CHEN 3	QAAT076	149	0,778
CHEN 346	QAAT050	176	0,611	TAR7	QAAT050	231	0,143	CHEN 169	QAAT076	210	0,063	CHEN 3	QAAT112	192	0,100
CHEN 346	QAAT050	179	0,056	TAR7	QAAT078	224	0,429	CHEN 178	QAAT022	135	1,000	CHEN 3	QAAT050	217	0,143
CHEN 346	KGA03	146	0,100	TAR8	QAAT106	293	0,222	CHEN 233	QGA03	200	1,000	CHEN 3	KGA03	150	0,056
CHEN 346	KGA020	191	0,600	TAR8	QAAT022	219	0,111	CHEN 233	QAAT026	220	0,833	CHEN 5	KGA020	165	1,000
CHEN 346	QGA002	162	0,500	TAR8	QAAT024	250	0,375	VI-1	QAAT097	209	0,111	CHEN 80	QAAT062	152	0,150
CHEN 346	QAAT026	229	0,600	TAR9	QAAT088	175	0,167	VI-1	QAAT076	154	0,143	CHEN 168	QAAT087	217	0,150
CHEN 369	QAAT112	212	0,938	TAR9	QAAT076	160	0,083	VI-1	QAAT106	319	0,667	CHEN 352	QAAT106	332	1,000
CHEN 369	QGA002	198	0,889	TAR9	QGA002	185	0,214	VI-1	KGA03	175	0,100	CHEN361	QAAT074	212	0,063
CHEN 447	QAAT076	226	0,300	TAR9	QAAT024	253	0,056	VI-1	QAAT071	126	0,400	CHEN361	QAAT027	156	0,050
CHEN 449	QAAT071	174	0,750	TAR11	QAAT024	223	0,083	PRJ	QAAT001	152	0,100	CHEN361	QAAT071	159	0,389
ChucC	QAAT088	143	0,643	TAR11	QGA03	163	0,500	PRJ	QAAT097	186	0,300	CHEN 7	QAAT112	224	0,900
ChucC	QAAT071	139	0,278	TAR14	QAAT076	168	0,050	PRJ	QAAT050	193	0,100	CHEN 7	QAAT062	186	0,150
ChucD	QAAT097	210	0,222	TAR14	QAAT078	230	0,300	PRJ	QAAT071	140	0,050	CHEN 7	QAAT026	185	1,000
ChucD	QAAT087	204	0,250	CHEN 24	QAAT062	213	0,375	Curicó	QAAT001	143	0,150	Chol 1	QAAT076	204	0,056
ChucD	QAAT027	224	0,250	CHEN 24	QAAT062	216	0,500	Curicó	QAAT001	145	0,050	Chol 1	QAAT027	168	0,150

Fórmulas matemáticas de las diferentes medidas de distancia testeadas:

Nei (1972)

$$d_{ij} = -\ln \left(\frac{\sum_k |x_{ki} x_{kj}|}{\sqrt{\sum_k x_{ki}^2 x_{kj}^2}} \right)$$

Rogers (1972)

$$d_{ij} = \frac{1}{2l} \sum_k \sqrt{\sum (x_{ki} - x_{kj})^2}$$

Hillis (1984)

$$d_{ij} = -\ln \left(\frac{1}{l} \sum_k \frac{\sum x_{ki} x_{kj}}{\sqrt{\sum x_{ki}^2 x_{kj}^2}} \right)$$

Cavalli-Sforza & Edwards (cuerda) (1967)

$$d_{ij} = 4 \left(n_{loci} - \sum_k \sqrt{x_{ki} x_{kj}} \right)$$

Prevosti (1978)

$$d_{ij} = \frac{1}{2l} \sum_k |x_{ki} - x_{kj}|$$

TABLA 3: Valores de correlación cofenética con dendograma UPGMA de las distancias testeadas que cumplen con la propiedad de ser euclídeas.

Cavalli-Sforza & Edwards (1967)	r = 0,8807	p < 0,001
Rogers (1972)	r = 0,8085	p < 0,001
Prevosti (1978)	r = 0,8972	p < 0,001

TABLA 4: Distancia genética de Prevosti (1978) entre las poblaciones procedentes del NOA.

	414	420	211	252	422	426	427	431	432	231	434	272	275	60	183	184	269	58	182	438	
414	0																				
420	0,8888	0																			
211	0,7074	0,7449	0																		
252	0,5655	0,8904	0,779	0																	
422	0,7851	0,6889	0,6767	0,8472	0																
426	0,8159	0,7659	0,6795	0,8779	0,6117	0															
427	0,9147	0,8119	0,8073	0,8696	0,8225	0,7149	0														
431	0,8081	0,6985	0,6309	0,8386	0,6994	0,6068	0,7366	0													
432	0,8322	0,7785	0,7864	0,8354	0,666	0,6247	0,5465	0,7062	0												
231	0,4727	0,8875	0,7699	0,5666	0,8767	0,87	0,883	0,8688	0,8611	0											
434	0,7382	0,8932	0,8261	0,6881	0,8409	0,8591	0,8978	0,9034	0,872	0,7208	0										
272	0,7471	0,8411	0,817	0,8348	0,7376	0,7283	0,7032	0,8164	0,6898	0,8126	0,7866	0									
275	0,5721	0,9066	0,8217	0,5955	0,8858	0,8543	0,8172	0,8723	0,7624	0,5666	0,6715	0,7164	0								
60	0,8076	0,8914	0,867	0,7234	0,8035	0,8779	0,8883	0,8569	0,8801	0,8199	0,3886	0,7762	0,7818	0							
183	0,5788	0,8574	0,8341	0,6448	0,9102	0,861	0,8853	0,8165	0,8803	0,4574	0,696	0,7731	0,571	0,8285	0						
184	0,7555	0,8046	0,6406	0,7989	0,7677	0,6204	0,6993	0,628	0,6815	0,7763	0,8023	0,6326	0,7452	0,8122	0,7813	0					
269	0,8185	0,8382	0,7996	0,8024	0,6928	0,6202	0,7448	0,7394	0,7239	0,8518	0,8294	0,601	0,7967	0,8368	0,8456	0,6791	0				
58	0,5435	0,9182	0,7909	0,5854	0,8705	0,86	0,8895	0,8807	0,8414	0,6092	0,6694	0,7985	0,4263	0,7876	0,5931	0,8146	0,8346	0			
182	0,5448	0,9428	0,8088	0,5991	0,8993	0,8763	0,8891	0,8842	0,8668	0,6278	0,6263	0,7729	0,4725	0,7181	0,6092	0,8159	0,8336	0,2638	0		
438	0,7555	0,855	0,661	0,8146	0,7344	0,574	0,723	0,6304	0,6748	0,8115	0,7914	0,7012	0,7544	0,8192	0,7783	0,6076	0,6567	0,7433	0,7703	0	
274	0,6058	0,9455	0,8267	0,5627	0,8864	0,9167	0,8988	0,9011	0,9091	0,6051	0,4712	0,8027	0,6038	0,5283	0,6528	0,8359	0,8561	0,5199	0,4951	0,7928	
465	0,8859	0,9283	0,8939	0,8636	0,9032	0,9513	0,8719	0,9292	0,8838	0,8654	0,8909	0,7693	0,8907	0,829	0,8938	0,9068	0,8183	0,8816	0,9081	0,88	
466	0,8795	0,9283	0,8767	0,8727	0,8792	0,9614	0,9002	0,9269	0,9187	0,8591	0,8955	0,8369	0,9136	0,8286	0,908	0,9205	0,8534	0,8861	0,9121	0,9037	
468	0,9015	0,9662	0,8737	0,8687	0,907	0,853	0,8477	0,8393	0,9205	0,8467	0,9169	0,8121	0,8836	0,825	0,878	0,8732	0,8344	0,8712	0,9033	0,8493	
256	0,9432	0,972	0,95	0,8769	0,9269	0,8905	0,8905	0,9341	0,9179	0,9083	0,9169	0,8132	0,9068	0,8523	0,9186	0,922	0,8521	0,9104	0,9086	0,8799	
446	0,9066	0,9106	0,9659	0,8633	0,8877	0,8584	0,8246	0,8628	0,8568	0,8773	0,8987	0,7054	0,8621	0,8523	0,8352	0,8596	0,7176	0,9066	0,9165	0,8374	
213	0,8414	0,8568	0,8674	0,8793	0,9136	0,8753	0,8896	0,7858	0,8951	0,8213	0,9111	0,8662	0,8775	0,8195	0,889	0,8816	0,9086	0,8907	0,9048	0,883	
451	0,9005	0,9063	0,9528	0,8937	0,9586	0,9032	0,8224	0,821	0,8484	0,863	0,9232	0,8747	0,8775	0,8232	0,8676	0,8294	0,8583	0,9023	0,9321	0,862	
456	0,7463	0,8977	0,8591	0,87	0,9367	0,9186	0,8811	0,9203	0,8943	0,7992	0,8409	0,802	0,8611	0,7477	0,8295	0,8152	0,8691	0,8665	0,8754	0,8867	

458	0,8434	0,9011	0,8597	0,8598	0,9364	0,8895	0,8749	0,8371	0,8792	0,833	0,8648	0,8566	0,8768	0,8187	0,8693	0,8785	0,8911	0,9	0,9035	0,8783
461	0,8093	0,9	0,9091	0,8807	0,9205	0,9109	0,8336	0,8643	0,8434	0,7688	0,8797	0,7769	0,8039	0,8489	0,8585	0,8399	0,8668	0,8489	0,8592	0,8616
463	0,8273	0,9432	0,9545	0,8723	0,9636	0,9654	0,9308	0,9199	0,9722	0,7767	0,8255	0,8872	0,8247	0,7795	0,8466	0,8922	0,9256	0,8727	0,8768	0,9447
482	0,7539	0,9778	0,9278	0,8051	0,9525	0,875	0,9017	0,9178	0,8679	0,7266	0,8835	0,8368	0,8058	0,8487	0,7963	0,9189	0,8789	0,8197	0,8025	0,8699
212	0,8608	0,904	0,9068	0,8665	0,9591	0,9088	0,87	0,8375	0,8967	0,7881	0,8284	0,9141	0,8121	0,7744	0,7756	0,827	0,8841	0,8443	0,8559	0,8373
BL	0,8936	0,2278	0,78	0,8793	0,6973	0,7896	0,8432	0,776	0,7848	0,8986	0,9023	0,8525	0,9033	0,8904	0,8804	0,7771	0,8711	0,9194	0,9418	0,8685
ANT	0,8475	0,8781	0,9176	0,8371	0,8927	0,895	0,8255	0,917	0,8407	0,8354	0,8578	0,7242	0,8432	0,8245	0,8933	0,8978	0,7921	0,872	0,8881	0,8681

	274	465	466	468	256	446	213	451	456	458	461	463	482	212	BL	ANT
274	0															
465	0,8295	0														
466	0,8295	0,1689	0													
468	0,8333	0,5949	0,6465	0												
256	0,8515	0,428	0,5071	0,6044	0											
446	0,8379	0,5254	0,5771	0,6302	0,4884	0										
213	0,852	0,8619	0,8705	0,8298	0,8412	0,8624	0									
451	0,8687	0,8472	0,8699	0,8154	0,808	0,8157	0,5781	0								
456	0,8182	0,8149	0,8364	0,7975	0,8072	0,8402	0,6556	0,5691	0							
458	0,8636	0,9381	0,9477	0,7864	0,9409	0,8687	0,7136	0,5739	0,521	0						
461	0,8239	0,849	0,8909	0,7818	0,8409	0,8199	0,6091	0,501	0,4896	0,4352	0					
463	0,7727	0,8626	0,8824	0,8227	0,8023	0,8864	0,644	0,5633	0,5489	0,5909	0,5216	0				
482	0,7255	0,8808	0,8782	0,8487	0,9205	0,9126	0,7371	0,6739	0,846	0,7614	0,7417	0,828	0			
212	0,7813	0,9369	0,9506	0,8347	0,8657	0,8682	0,6001	0,4613	0,6705	0,5142	0,5898	0,6392	0,8076	0		
BL	0,9293	0,9399	0,9444	0,9674	0,9859	0,9492	0,8755	0,9351	0,9116	0,9426	0,9199	0,9697	0,9649	0,9454	0	
ANT	0,825	0,7318	0,7914	0,728	0,7004	0,7063	0,8051	0,8167	0,751	0,7651	0,7412	0,7836	0,8508	0,8061	0,8867	0

TABLA 5: Análisis de la Varianza Molecular y los estadísticos *F* de Wright resultantes para cada nivel jerárquico.

Source	Df*	SS	MS	Est. Var.	%
Among Regions	3	1192,666	397,555	1,791	18%
Among Pops	32	2635,475	82,359	3,784	39%
Among Indiv	323	2227,95	6,898	2,661	27%
Within Indiv	359	565,5	1,575	1,575	16%
Total	717	6621,591		9,812	100%

*Número total de Individuos = 359

Stat	Value	P (rand >= data)
Fr _t	0,183	0,001
Fs _r	0,472	0,001
Fs _t	0,568	0,001
Fis	0,628	0,001
Fit	0,839	0,001

TABLA 6: Índice de Información (I), diversidad genética (UHe), riqueza alélica (A) y número de alelos privados por locus; valores promedio y Error Estándar (EE), mínimo y máximo, entre las poblaciones de cada grupo.

	Valles secos (G1)						Valles húmedos (G2)						transición (G3)						Puna (G4)					
	I	EE	UHe	EE	A	Alelos privados	I	EE	UHe	EE	A	Alelos privados	I	EE	UHe	EE	A	Alelos privados	I	EE	UHe	EE	A	Alelos privados
QAAT074	0,501	0,119	0,31	0,07	22	1	0,241	0,071	0,18	0,05	11	0,256	0,060	0,15	0,04	8	0,900	0,126	0,51	0,06	41	3		
QAAT088	0,780	0,125	0,44	0,07	33	2	0,276	0,096	0,17	0,06	13	0,762	0,103	0,44	0,06	15	0,926	0,136	0,50	0,07	46	1		
QAAT001	0,492	0,077	0,33	0,05	21		0,359	0,088	0,23	0,06	14	3	0,424	0,086	0,27	0,06	11	0,833	0,126	0,46	0,07	41	2	
QAAT097	0,698	0,150	0,39	0,07	30	4	0,304	0,084	0,20	0,06	13	0,433	0,085	0,27	0,06	10	0,870	0,138	0,48	0,07	41			
QAAT076	0,586	0,124	0,36	0,07	24	1	0,292	0,061	0,17	0,04	15	0,438	0,063	0,27	0,04	10	0,843	0,134	0,47	0,07	41	3		
QAAT087	0,610	0,086	0,40	0,05	23		0,251	0,105	0,13	0,06	15	3	0,133	0,045	0,08	0,03	6	0,783	0,111	0,45	0,06	39	3	
QAAT112	0,320	0,101	0,19	0,06	18	1	0,233	0,071	0,15	0,05	12	0,682	0,044	0,45	0,03	13	1	0,458	0,102	0,28	0,06	26	1	
QAAT050	0,390	0,099	0,26	0,06	17	2	0,276	0,069	0,18	0,05	13	0,336	0,089	0,19	0,05	9	0,545	0,115	0,32	0,06	30	4		
QAAT027	0,306	0,064	0,20	0,04	18	1	0,309	0,065	0,19	0,04	15	0,617	0,070	0,36	0,04	15	0,974	0,120	0,55	0,06	45	2		
QAAT062	0,687	0,102	0,44	0,06	25		0,282	0,056	0,21	0,05	13	0,374	0,058	0,24	0,04	10	0,815	0,120	0,44	0,06	45	1		
QAAT106	0,516	0,093	0,33	0,06	22	3	0,111	0,052	0,08	0,04	10	0,542	0,079	0,34	0,05	11	1	0,439	0,084	0,26	0,05	27		
KGA03	0,055	0,026	0,03	0,01	12		0,171	0,057	0,12	0,04	11	0,380	0,074	0,24	0,05	10	2	0,514	0,091	0,33	0,06	27		

QAAT022	0,686	0,127	0,41	0,07	26	3	0,449	0,113	0,27	0,06	17	1	0,607	0,101	0,37	0,06	11	2	0,963	0,127	0,53	0,07	47	3	
KGA020	0,328	0,066	0,22	0,05	17		0,147	0,059	0,11	0,04	10	3	0,533	0,098	0,32	0,06	11	1	0,544	0,122	0,31	0,07	31	1	
QGA002	0,288	0,089	0,18	0,05	17		0,029	0,018	0,02	0,01	9		0,108	0,036	0,06	0,02	6		0,804	0,090	0,48	0,05	38	1	
QAAT024	0,767	0,095	0,47	0,06	29	2	0,181	0,078	0,12	0,05	11		0,144	0,039	0,09	0,03	7		0,653	0,086	0,40	0,05	33	3	
QAAT078	0,425	0,080	0,30	0,06	18	2	0,436	0,083	0,31	0,06	15	1	0,515	0,122	0,30	0,07	11		0,743	0,093	0,47	0,06	35	2	
QAAT084	0,198	0,064	0,12	0,04	15		0,117	0,048	0,08	0,03	10		0,338	0,066	0,24	0,05	8	1	0,549	0,133	0,30	0,07	32	1	
QGA003	0,272	0,089	0,16	0,05	18	2	0,368	0,085	0,22	0,05	16		0,442	0,040	0,29	0,04	11	2	0,779	0,107	0,47	0,06	35	6	
QCA067	0,000	0,000	0,00	0,00	10		0,108	0,049	0,07	0,04	10		0,338	0,062	0,19	0,03	10		0,508	0,112	0,31	0,07	27		
QAAT026	0,276	0,069	0,17	0,05	17	2	0,199	0,092	0,12	0,05	12	1	0,225	0,041	0,14	0,03	9		0,597	0,107	0,36	0,06	31	2	
QAAT071	0,253	0,085	0,16	0,05	15	1	0,271	0,086	0,19	0,06	12		0,342	0,065	0,26	0,06	8	1	0,845	0,120	0,49	0,07	39	2	
Total					447	27					277	12					220	11					797	41	
Promedio	0,429		0,27				0,246		0,16				0,408		0,25				0,722		0,42				
EE	0,047		0,03				0,023		0,01				0,037		0,02				0,037		0,02				
Máx	0,780		0,47		33		0,449		0,31		17		0,762		0,45		15		0,974		0,55		47		
Min	0,000		0,00		10		0,029		0,02		9		0,108		0,06		6		0,439		0,26		26		

Variables de la base de datos Bioclim (Hijmans et al., 2005).

BIO1 = Annual Mean Temperature

BIO2 = Mean Diurnal Range (Mean of monthly (max temp - min temp))

BIO3 = Isothermality (BIO2/BIO7) (* 100)

BIO4 = Temperature Seasonality (standard deviation *100)

BIO5 = Max Temperature of Warmest Month

BIO6 = Min Temperature of Coldest Month

BIO11 = Mean Temperature of Coldest Quarter

BIO12 = Annual Precipitation

BIO13 = Precipitation of Wettest Month

BIO14 = Precipitation of Driest Month

BIO15 = Precipitation Seasonality (Coefficient of Variation)

BIO16 = Precipitation of Wettest Quarter

BIO7 = Temperature Annual Range (BIO5-BIO6)

BIO8 = Mean Temperature of Wettest Quarter

BIO9 = Mean Temperature of Driest Quarter

BIO10 = Mean Temperature of Warmest Quarter

BIO17 = Precipitation of Driest Quarter

BIO18 = Precipitation of Warmest Quarter

BIO19 = Precipitation of Coldest Quarter

TABLA 7: Matriz de correlación entre diversidad genética (UHe) y variables climáticas (B1-B19): en parte inferior coeficiente de correlación lineal de Pearson, en parte superior significancia de la correlación (ns: no significativa; * significativa $p < 0,05$; ** altamente significativa $p < 0,01$)

	UHe	B1	B2	B3	B4	B5	B6	B7	B8	B9	B10	B11	B12	B13	B14	B15	B16	B17	B18	B19
UHe	1	ns	ns	ns	ns	*	ns	ns	*	*	*	*	ns	*	ns	**	**	*	Ns	*
B1	-0,27	1	ns	ns	ns	**	ns	ns	**	**	**	**	*	**	ns	*	**	ns	**	ns
B2	-0,08	-0,05	1	ns	**	ns	**	**	ns	ns	ns	ns	**	**	**	ns	**	ns	*	ns
B3	0,02	-0,06	0,03	1	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns
B4	-0,16	0,18	0,76	-0,11	1	**	*	**	*		*	ns	**	**	ns	ns	**	ns	*	ns
B5	-0,42	0,73	0,3	-0,06	0,58	1	ns	**	**	**	**	**	**	**	ns	**	**	*	**	ns
B6	-0,22	0,27	-0,58	0,05	-0,37	0,12	1	*	ns	**	ns	*	ns	ns	**	**	ns	**	ns	**
B7	-0,15	0,09	0,96	-0,04	0,91	0,49	-0,49	1	ns	ns	ns	ns	**	**	*	ns	**	ns	**	ns
B8	-0,41	0,78	0,02	-0,07	0,37	0,96	0,3	0,23	1	**	ns	**	**	**	ns	**	**	*	**	ns
B9	-0,41	0,75	-0,33	-0,03	-0,01	0,78	0,48	-0,16	0,91	1	**	**	ns	*	ns	*	*	ns	*	ns
B10	-0,41	0,78	0,02	-0,07	0,37	0,96	0,3	0,23	1	0,91	1	**	**	**	ns	**	**	*	**	ns
B11	-0,4	0,78	-0,16	-0,04	0,12	0,87	0,42	0,01	0,97	0,97	0,97	1	*	**	ns	**	**	*	**	ns
B12	-0,32	0,34	0,53	-0,1	0,57	0,6	0,02	0,62	0,48	0,26	0,48	0,37	1	**	ns	**	**	**	**	*
B13	-0,42	0,5	0,56	-0,07	0,56	0,75	0,11	0,64	0,63	0,4	0,63	0,54	0,81	1	ns	**	**	**	**	*
B14	-0,05	-0,02	-0,54	-0,02	-0,16	-0,17	0,55	-0,42	-0,03	0,11	-0,03	-0,01	-0,04	-0,09	1	ns	ns	**	ns	**
B15	0,48	-0,41	-0,1	0,15	-0,29	-0,52	-0,51	-0,24	-0,52	-0,43	-0,52	-0,48	-0,6	-0,68	-0,28	1	**	**	**	**
B16	-0,43	0,5	0,54	-0,08	0,56	0,76	0,13	0,63	0,65	0,42	0,65	0,55	0,81	1	-0,09	-0,71	1	**	**	*
B17	-0,41	0,26	0,01	-0,29	0,25	0,36	0,5	0,15	0,38	0,31	0,38	0,33	0,57	0,65	0,58	-0,8	0,66	1	**	**
B18	-0,33	0,47	0,41	-0,08	0,41	0,67	0,19	0,49	0,6	0,42	0,6	0,54	0,74	0,91	-0,07	-0,67	0,92	0,64	1	**
B19	-0,33	0,21	-0,22	-0,29	0,07	0,17	0,54	-0,08	0,24	0,27	0,24	0,23	0,39	0,39	0,71	-0,73	0,41	0,92	0,46	1

TABLA 8: Resultado de la Regresión Lineal Múltiple.

Summary of Fit

Statistic	Value
Multiple R	0,50001
Multiple R ²	0,25001
Adjusted R ²	0,22657
F (1,33)	10,66718
<i>p</i>	0,00260
Std.err. of estimate	0,35104

Parameter Estimates

Term	B	Std. Error	t(32)	p-level
Intercept	-0,18155	0,15762	-1,15185	0,257918
B16	-0,00304	0,00093	-3,26607	0,002603

Analysis of Variance

Source	Sums of Squares	df	Mean	F	p-level
Regress.	1,314513	1	1,314513	10,66718	0,002603
Residual	3,943346	32	0,123230		
Total	5,257859				

TABLA 9: Autovectores correspondientes a las cuatro primeras componentes principales donde se ve la carga o participación de las variables originales sobre la construcción de estos ejes.

Variable		C1	C2	C3	C4
Diámetro de Tallo	DT	0,8719	0,0502	0,2912	0,0840
Ramas principales	NR	0,4150	0,1278	-0,5674	-0,0853
Forma de la hoja superior	FHS	0,2066	0,6850	0,3440	-0,3100
N° de dientes de la hoja superior	ND	0,4514	-0,4454	-0,3039	0,5554
Longitud de pecíolo	LP	0,8048	-0,1324	0,3042	0,0213
Longitud de hoja media	LHM	0,7584	-0,4458	0,1501	-0,0419
Ancho de hoja media	AHM	0,8495	-0,4442	-0,0313	0,1363
Longitud de Panoja	LPAN	0,6268	-0,2103	0,3877	-0,4444
Longitud de glomérulo	LGLO	0,6815	-0,1683	-0,2067	-0,4522
Longitud de cotiledones	LCOT	0,4604	-0,3771	0,2553	-0,1002
Longitud de hipocótilo	LHYP	-0,1314	0,3621	0,7069	0,2976
Siembra-Emergencia	SEMR	-0,0788	-0,0796	-0,2938	-0,4610
Siembra-Botón floral	SBF	0,7652	0,3847	-0,3064	0,0501
Siembra-Floración	SFL	0,8387	0,3992	-0,2291	0,0351
Siembra-Madurez fisiológica	SMF	0,7843	0,4742	-0,0844	0,1603
Altura de planta	ALTP	0,9421	0,0899	0,0997	0,1104
Diámetro de grano	DG	-0,2219	-0,7229	0,1601	-0,0554

TABLA 10: Distancia genética de Prevosti entre todas las poblaciones caracterizadas. Poblaciones nativas del NOA se indican con la sigla respectiva; entradas del resto de Sudamérica se indican con la letra E seguido de las iniciales del país de procedencia: Bolivia (Bo), Chile (Chi), Colombia (Co), Ecuador (Ec), Perú (Pe), excepto las entradas procedentes de Cholila, Chubut (consideradas en este grupo por estar fuera del NOA).

	EBo247	EBo248	EBo253	EBo339	EBo346	EBo369	EBo447	EBo448	EBo449	EBoChucA	EBoChucB	EBoChucC	EBoChucD	EBoTAR1	EBoTAR3	EBoTAR7
EBo247	0,0000															
EBo248	0,7466	0,0000														
EBo253	0,8732	0,7240	0,0000													
EBo339	0,7843	0,7583	0,7494	0,0000												
EBo346	0,8754	0,7997	0,7375	0,7483	0,0000											
EBo369	0,8933	0,8623	0,8012	0,8605	0,8443	0,0000										
EBo447	0,8830	0,8136	0,6572	0,7888	0,7426	0,7569	0,0000									
EBo448	0,9490	0,7449	0,7185	0,7490	0,7713	0,8325	0,6988	0,0000								
EBo449	0,8577	0,7273	0,4533	0,6882	0,7068	0,7833	0,6344	0,6190	0,0000							
EBoChucA	0,5181	0,8076	0,8812	0,8558	0,8787	0,8740	0,8750	0,9106	0,8291	0,0000						
EBoChucB	0,5919	0,7864	0,8567	0,8194	0,8779	0,8816	0,8520	0,9146	0,8145	0,3293	0,0000					
EBoChucC	0,6847	0,7973	0,8264	0,7736	0,8377	0,8812	0,8569	0,8796	0,8101	0,5268	0,4643	0,0000				
EBoChucD	0,8660	0,7662	0,8288	0,8627	0,8509	0,8680	0,8816	0,8016	0,7989	0,7026	0,7249	0,7846	0,0000			
EBoTAR1	0,8812	0,7654	0,8111	0,7336	0,7932	0,8583	0,8061	0,8596	0,8487	0,8115	0,7367	0,8045	0,8201	0,0000		
EBoTAR3	0,8033	0,6794	0,6791	0,6014	0,7631	0,7152	0,7478	0,7120	0,6800	0,8417	0,8155	0,7828	0,8067	0,7676	0,0000	
EBoTAR7	0,8853	0,7801	0,8745	0,7835	0,8262	0,8924	0,7982	0,8112	0,8781	0,8288	0,8107	0,8424	0,7950	0,4279	0,8442	0,0000
EBoTAR8	0,7989	0,6803	0,7692	0,7714	0,8448	0,8540	0,8763	0,8467	0,7384	0,7658	0,7452	0,7456	0,7990	0,7801	0,7359	0,7514
EBoTAR9	0,7608	0,6108	0,7744	0,8088	0,8117	0,8528	0,8260	0,8034	0,7820	0,7560	0,7360	0,7037	0,8156	0,7001	0,7385	0,7233
EBoTAR11	0,8631	0,7932	0,6219	0,7817	0,7422	0,8204	0,6709	0,7046	0,5870	0,7971	0,7900	0,8262	0,8245	0,8119	0,6909	0,8535
EBoTAR13	0,8543	0,8044	0,8501	0,7695	0,8098	0,8989	0,7987	0,8653	0,8622	0,8209	0,7727	0,8171	0,8080	0,4654	0,7888	0,4784
EBoTAR14	0,8527	0,8323	0,8566	0,8177	0,8730	0,9070	0,8584	0,9273	0,8782	0,8373	0,7737	0,8119	0,8604	0,4918	0,8198	0,5682
EChi024	0,9686	0,8698	0,8675	0,9594	0,9002	0,9744	0,9117	0,9279	0,8737	0,9481	0,9545	0,8966	0,8890	0,9372	0,9303	0,9547
EChi025	0,8638	0,7042	0,8471	0,8503	0,8337	0,8924	0,8381	0,8399	0,8227	0,8129	0,8316	0,7895	0,7972	0,8726	0,7912	0,8561
EChi050	0,9470	0,8367	0,8788	0,9373	0,9203	0,9450	0,9119	0,8857	0,8798	0,9242	0,9197	0,8663	0,8821	0,9167	0,8651	0,9526
EChi169	0,8644	0,7915	0,5919	0,7574	0,7937	0,7678	0,5588	0,6945	0,6035	0,8655	0,8550	0,8019	0,8905	0,8456	0,6791	0,8894
EChi178	0,9227	0,8697	0,8774	0,9306	0,9255	0,9261	0,8835	0,9091	0,8773	0,8864	0,8864	0,8443	0,8551	0,9387	0,9015	0,8987
EChi233	0,6997	0,7424	0,6682	0,7785	0,7789	0,8168	0,6851	0,7750	0,7318	0,8586	0,8199	0,8415	0,7551	0,8188	0,7633	0,8400

EChi235	0,8465	0,8568	0,8105	0,8932	0,8618	0,9063	0,8864	0,9091	0,8545	0,9091	0,9068	0,8920	0,8621	0,9068	0,8999	0,8720
EChiVI-1	0,9388	0,7663	0,8497	0,9014	0,8925	0,9191	0,8610	0,8718	0,8475	0,9094	0,9069	0,8443	0,8766	0,8729	0,8725	0,8908
EChiPRJ	0,9722	0,7986	0,8609	0,9372	0,9036	0,9472	0,8773	0,8779	0,8649	0,9182	0,9136	0,8716	0,8707	0,8828	0,9113	0,9058
EChiCur	0,9578	0,7956	0,8516	0,9450	0,8998	0,9390	0,8722	0,8894	0,8545	0,9152	0,9227	0,8614	0,8794	0,8645	0,9040	0,9015
EC002	0,9288	0,8053	0,8103	0,7296	0,8353	0,8241	0,8610	0,8680	0,8751	0,9042	0,8403	0,8974	0,8433	0,6529	0,7965	0,7177
EEc073	0,8904	0,7939	0,8349	0,8498	0,8567	0,7965	0,8399	0,8930	0,8430	0,8636	0,8318	0,8215	0,8038	0,8010	0,7263	0,8420
EEci166	0,9313	0,8286	0,8257	0,8338	0,8067	0,8434	0,8215	0,9228	0,8842	0,9182	0,9048	0,8890	0,8533	0,7771	0,8035	0,8285
EPe001	0,8553	0,7455	0,7862	0,8006	0,8129	0,7322	0,8090	0,8484	0,7841	0,7965	0,7992	0,8695	0,7658	0,7359	0,7281	0,7830
EPe003	0,8889	0,7832	0,7745	0,7882	0,8397	0,8679	0,7947	0,8270	0,7706	0,9064	0,8518	0,8586	0,8955	0,7339	0,8074	0,7874
EPe005	0,9182	0,8684	0,8854	0,9214	0,8531	0,9018	0,9093	0,9639	0,9136	0,9318	0,9318	0,9318	0,8799	0,8946	0,8907	0,8247
EPe080	0,9265	0,8045	0,7713	0,8153	0,8826	0,8768	0,8113	0,9117	0,8159	0,9182	0,8977	0,9227	0,8635	0,7921	0,8371	0,7025
EPe168	0,8870	0,7977	0,7694	0,7537	0,7956	0,7889	0,7546	0,8669	0,8258	0,9069	0,8766	0,8467	0,8212	0,7379	0,6729	0,8253
EPe352	0,9033	0,8740	0,8387	0,8517	0,8813	0,9109	0,9045	0,8606	0,8568	0,8864	0,8659	0,8864	0,8544	0,8470	0,8545	0,8450
EPe361	0,9126	0,7829	0,8092	0,7564	0,8559	0,8966	0,9105	0,8458	0,7848	0,9143	0,9097	0,9006	0,8114	0,8461	0,7633	0,8133
EPe007	0,7828	0,8137	0,8342	0,8933	0,9016	0,8998	0,9199	0,9227	0,8665	0,8354	0,8221	0,8210	0,8413	0,8426	0,8255	0,8563
EChol	0,8765	0,8162	0,7520	0,7540	0,8124	0,8369	0,8383	0,8066	0,8162	0,8654	0,8540	0,7415	0,8147	0,8317	0,6460	0,8930
EChol	0,8662	0,8145	0,7789	0,6923	0,8166	0,8214	0,8602	0,8370	0,8282	0,8662	0,8503	0,7938	0,8086	0,7919	0,6214	0,8590
NOA414	0,7142	0,6714	0,8031	0,8111	0,8186	0,8580	0,7862	0,8074	0,7790	0,7086	0,7255	0,7276	0,8276	0,8260	0,8151	0,8201
NOA420	0,9239	0,8467	0,7929	0,8141	0,8820	0,8386	0,7960	0,7532	0,8037	0,9091	0,8295	0,8141	0,9283	0,8482	0,7785	0,9443
NOA211	0,8443	0,7740	0,7026	0,8497	0,8341	0,7625	0,7147	0,6345	0,6245	0,7784	0,7959	0,7967	0,8532	0,9115	0,7992	0,9033
NOA252	0,8351	0,7426	0,8295	0,8066	0,8371	0,8876	0,8230	0,7794	0,7491	0,7866	0,8025	0,7459	0,7842	0,8451	0,8162	0,8221
NOA422	0,9477	0,7818	0,6643	0,8066	0,7854	0,8105	0,7160	0,6810	0,6069	0,8864	0,8507	0,9217	0,8598	0,8619	0,7811	0,9284
NOA426	0,8899	0,7596	0,6955	0,7392	0,7673	0,7777	0,7641	0,6658	0,6427	0,8837	0,8335	0,8519	0,8193	0,8732	0,6746	0,9178
NOA427	0,9371	0,7748	0,7316	0,7522	0,8076	0,8696	0,8307	0,7985	0,7274	0,9192	0,8889	0,8643	0,8532	0,7756	0,7634	0,8960
NOA431	0,9172	0,7889	0,7335	0,7843	0,8010	0,8000	0,7547	0,5908	0,7083	0,9110	0,8973	0,8448	0,8807	0,8647	0,7892	0,8764
NOA432	0,8847	0,7354	0,6619	0,7828	0,7411	0,8582	0,7112	0,7237	0,6197	0,9116	0,8758	0,8960	0,8404	0,8241	0,7619	0,8602
NOA231	0,8363	0,7101	0,8280	0,8098	0,8601	0,9143	0,8148	0,8242	0,7859	0,7511	0,7851	0,6654	0,8134	0,8203	0,8402	0,8023
NOA434	0,8404	0,7833	0,8483	0,7525	0,8245	0,8378	0,8131	0,7828	0,7779	0,7750	0,7282	0,7890	0,8372	0,8781	0,7891	0,9011
NOA272	0,8547	0,6670	0,7045	0,6836	0,7420	0,8063	0,7675	0,7612	0,6709	0,8642	0,8316	0,7985	0,8060	0,7930	0,6327	0,8512
NOA275	0,7846	0,6677	0,8083	0,7727	0,8102	0,8496	0,8158	0,8295	0,7591	0,8114	0,7924	0,7173	0,8412	0,8195	0,7989	0,8351
NOA60	0,8371	0,7316	0,8263	0,7747	0,8351	0,8328	0,8363	0,7719	0,8196	0,8222	0,8179	0,8498	0,8215	0,8536	0,8130	0,8920

NOA183	0,8210	0,6696	0,8320	0,7870	0,8377	0,8923	0,8193	0,8133	0,8253	0,8580	0,8551	0,7230	0,8943	0,8627	0,8287	0,8412
NOA184	0,8693	0,7321	0,6276	0,7172	0,7584	0,8104	0,6903	0,6754	0,6230	0,8602	0,8475	0,7926	0,8559	0,8167	0,6828	0,8380
NOA269	0,8704	0,7443	0,7193	0,6723	0,7866	0,7954	0,8463	0,7951	0,7023	0,8732	0,8306	0,8026	0,8026	0,8152	0,5911	0,8840
NOA058	0,7750	0,7250	0,8693	0,8098	0,8352	0,7961	0,8653	0,8417	0,7761	0,7677	0,7689	0,7754	0,8382	0,8724	0,8028	0,8561
NOA182	0,7410	0,6881	0,8639	0,8067	0,8477	0,8328	0,8665	0,8356	0,7972	0,7509	0,7301	0,7390	0,8343	0,8674	0,7956	0,8589
NOA438	0,8585	0,6961	0,7053	0,6593	0,7566	0,8268	0,7630	0,6539	0,6173	0,8789	0,8466	0,8435	0,8478	0,8544	0,7193	0,8556
NOA274	0,8187	0,7611	0,8398	0,7985	0,8593	0,8762	0,8449	0,8652	0,8171	0,7727	0,7532	0,7597	0,8247	0,8575	0,8588	0,8361
NOA465	0,9120	0,8505	0,8847	0,8538	0,8947	0,9018	0,9426	0,8919	0,8711	0,8727	0,8828	0,8673	0,8479	0,8656	0,8535	0,8571
NOA466	0,9256	0,8808	0,8921	0,8780	0,9268	0,9313	0,9477	0,8894	0,8859	0,8682	0,8896	0,8802	0,8741	0,8966	0,8756	0,8962
NOA468	0,9467	0,8505	0,9011	0,8571	0,9110	0,7715	0,9409	0,8677	0,8989	0,8568	0,8551	0,9216	0,8585	0,8092	0,8597	0,8523
NOA256	0,9313	0,8088	0,9180	0,8782	0,9206	0,8677	0,9500	0,8970	0,8818	0,9205	0,9215	0,9477	0,8305	0,8456	0,8483	0,7966
NOA446	0,9370	0,7836	0,8362	0,8220	0,8642	0,9146	0,9001	0,8753	0,8443	0,9306	0,9295	0,8870	0,8393	0,8519	0,8210	0,8487
NOA213	0,8941	0,8465	0,9299	0,8427	0,8372	0,8369	0,8665	0,8583	0,9185	0,8247	0,8770	0,9020	0,9074	0,6787	0,8794	0,7122
NOA451	0,9368	0,8437	0,8860	0,7443	0,8781	0,8806	0,8185	0,8365	0,8946	0,8970	0,8741	0,9009	0,8483	0,6284	0,8234	0,6146
NOA456	0,9020	0,8047	0,8709	0,7553	0,8486	0,8465	0,8481	0,8551	0,8916	0,8256	0,7410	0,8644	0,8708	0,6365	0,8516	0,6186
NOA458	0,9477	0,8569	0,9201	0,8129	0,8911	0,8881	0,8176	0,7848	0,9071	0,8182	0,7831	0,8774	0,8334	0,6843	0,8164	0,6749
NOA461	0,8796	0,8064	0,8638	0,7753	0,8147	0,8754	0,7978	0,8159	0,8867	0,8455	0,8013	0,8761	0,8746	0,5965	0,7961	0,6073
NOA463	0,9830	0,8808	0,9297	0,8689	0,8932	0,9141	0,8585	0,9545	0,9568	0,9091	0,9068	0,9091	0,9293	0,6569	0,9048	0,5674
NOA482	0,9086	0,8225	0,8714	0,8196	0,8965	0,9442	0,8588	0,8472	0,9033	0,8379	0,7974	0,8542	0,8183	0,8329	0,8537	0,8099
NOA212	0,9079	0,8626	0,8860	0,7687	0,8902	0,8806	0,8267	0,8917	0,8981	0,8205	0,7797	0,8280	0,9092	0,6146	0,8232	0,6451
NOABL	0,8913	0,8427	0,7999	0,8479	0,8740	0,8404	0,7934	0,8060	0,7969	0,9066	0,8270	0,8327	0,9232	0,8793	0,7944	0,9511
NOAANT	0,8824	0,8111	0,8651	0,8912	0,8560	0,8174	0,8803	0,9212	0,8940	0,8220	0,7891	0,8521	0,7533	0,7433	0,8194	0,7110

	EBoTAR8	EBoTAR9	EBoTAR11	EBoTAR13	EBoTAR14	EChi024	EChi025	EChi050	EChi169	EChi178	EChi233	EChi235	EChiVI-1	EChiPRJ	EChiCur	EC002
EBoTAR8	0,0000															
EBoTAR9	0,3059	0,0000														
EBoTAR11	0,8213	0,8174	0,0000													
EBoTAR13	0,7188	0,6746	0,8546	0,0000												
EBoTAR14	0,7533	0,7549	0,8712	0,4550	0,0000											
EChi024	0,8882	0,9090	0,9075	0,9466	0,9446	0,0000										
EChi025	0,8086	0,8105	0,8599	0,8683	0,8553	0,6355	0,0000									

EChi050	0,8432	0,8638	0,8890	0,9376	0,9078	0,5089	0,6290	0,0000									
EChi169	0,8344	0,8072	0,6237	0,8329	0,8887	0,8549	0,8380	0,8409	0,0000								
EChi178	0,9495	0,9375	0,8983	0,9394	0,9386	0,7956	0,7606	0,8134	0,8864	0,0000							
EChi233	0,8551	0,8567	0,7765	0,8662	0,8634	0,7795	0,7727	0,7697	0,7881	0,7424	0,0000						
EChi235	0,9268	0,9097	0,8939	0,9167	0,9136	0,8502	0,7427	0,8710	0,8634	0,7068	0,6364	0,0000					
EChiVI-1	0,8143	0,8301	0,8535	0,8619	0,8658	0,6225	0,6891	0,6899	0,8273	0,7722	0,7736	0,8543	0,0000				
EChiPRJ	0,8567	0,8672	0,8831	0,8849	0,8811	0,5670	0,7005	0,6604	0,8609	0,7924	0,7955	0,8250	0,3840	0,0000			
EChiCur	0,8376	0,8611	0,8718	0,8849	0,8596	0,5442	0,6985	0,6453	0,8657	0,7727	0,7838	0,8376	0,3894	0,2704	0,0000		
EC002	0,8218	0,8030	0,8768	0,7113	0,6864	0,9417	0,9083	0,9407	0,8859	0,9545	0,8240	0,9245	0,8887	0,8659	0,8778	0,0000	
EEc073	0,8931	0,8481	0,8117	0,8166	0,7851	0,9460	0,8530	0,8552	0,7691	0,8705	0,8424	0,8561	0,8883	0,9098	0,8924	0,7979	
EEci166	0,8401	0,8040	0,8867	0,7594	0,7728	0,9758	0,8749	0,9206	0,8505	0,9531	0,8571	0,9200	0,8673	0,8611	0,8427	0,7652	
EPe001	0,8155	0,8053	0,7642	0,7745	0,7981	0,9517	0,8445	0,8767	0,7705	0,8992	0,8222	0,8638	0,8415	0,8771	0,8628	0,7795	
EPe003	0,8913	0,8640	0,8599	0,8014	0,7366	0,9398	0,8728	0,9360	0,8479	0,9500	0,8153	0,9023	0,8843	0,8861	0,8768	0,5994	
EPe005	0,9091	0,9059	0,9234	0,8486	0,8227	0,9773	0,9056	0,9773	0,9667	0,9091	0,8611	0,9318	0,9545	0,9470	0,9364	0,8852	
EPe080	0,8561	0,8749	0,8956	0,7816	0,7530	0,9393	0,8850	0,9186	0,8802	0,8866	0,8540	0,9245	0,9321	0,9331	0,9187	0,7742	
EPe168	0,8332	0,8198	0,7782	0,7672	0,7867	0,9240	0,8521	0,9098	0,7440	0,9557	0,7845	0,9345	0,8676	0,9218	0,9225	0,8066	
EPe352	0,8737	0,8994	0,8791	0,9026	0,8462	0,9347	0,8205	0,9500	0,9184	0,8864	0,6780	0,8841	0,9027	0,9208	0,9318	0,8080	
EPe361	0,8427	0,8475	0,8596	0,8338	0,8049	0,9338	0,8822	0,9449	0,8848	0,9002	0,8523	0,8898	0,8941	0,8592	0,8679	0,6897	
EPe007	0,7691	0,7457	0,9321	0,8375	0,8340	0,9657	0,9162	0,9506	0,8810	0,9273	0,7949	0,9500	0,9232	0,9439	0,9357	0,7712	
EChol	0,8172	0,8052	0,7950	0,8430	0,8600	0,8599	0,8052	0,8285	0,7856	0,8424	0,7214	0,7525	0,8243	0,8396	0,8347	0,8413	
EChol	0,8020	0,8224	0,8251	0,8432	0,8652	0,9040	0,8274	0,8648	0,8521	0,8655	0,7522	0,7911	0,8584	0,8888	0,8816	0,7901	
NOA414	0,5678	0,5508	0,8372	0,7592	0,8053	0,8882	0,8048	0,9097	0,8122	0,8902	0,8015	0,8909	0,8455	0,8561	0,8756	0,8858	
NOA420	0,9313	0,9239	0,7981	0,9513	0,8392	0,9545	0,8725	0,9119	0,7605	0,8813	0,7841	0,9068	0,9100	0,9195	0,9250	0,8625	
NOA211	0,7570	0,7880	0,7750	0,8796	0,9056	0,8850	0,8205	0,8927	0,6696	0,9318	0,8182	0,9091	0,8308	0,8455	0,8432	0,9049	
NOA252	0,6515	0,6634	0,8428	0,7893	0,8591	0,9123	0,7812	0,9144	0,8491	0,9061	0,8348	0,8409	0,8473	0,8555	0,8410	0,9035	
NOA422	0,7914	0,8168	0,6227	0,9008	0,8895	0,9050	0,8753	0,9033	0,7051	0,9318	0,7634	0,9068	0,8881	0,9023	0,9068	0,8724	
NOA426	0,8247	0,8283	0,6597	0,8835	0,9072	0,9284	0,8568	0,9102	0,7123	0,9104	0,7588	0,9091	0,8785	0,8899	0,8966	0,8753	
NOA427	0,8641	0,8367	0,7610	0,8340	0,8292	0,9147	0,8201	0,8876	0,7534	0,8939	0,8250	0,8740	0,8219	0,8502	0,8578	0,8035	
NOA431	0,8415	0,8420	0,6636	0,8611	0,8888	0,9020	0,8588	0,9155	0,7738	0,9303	0,8030	0,9114	0,8697	0,8674	0,8542	0,8993	
NOA432	0,8604	0,8234	0,6476	0,8817	0,8833	0,9284	0,8133	0,8784	0,6775	0,8672	0,7806	0,8745	0,8665	0,8955	0,9068	0,8389	
NOA231	0,6591	0,6648	0,8465	0,8006	0,8351	0,9076	0,8066	0,9347	0,8409	0,8835	0,8515	0,8807	0,8267	0,8396	0,8518	0,9001	

NOA434	0,7922	0,8010	0,8738	0,8696	0,9457	0,9903	0,8636	0,9561	0,8571	0,8914	0,8288	0,8841	0,9059	0,9117	0,9409	0,9208
NOA272	0,7833	0,7774	0,7631	0,7790	0,7869	0,9358	0,8275	0,8837	0,7638	0,8887	0,8078	0,9273	0,8668	0,8959	0,8855	0,7695
NOA275	0,6768	0,6541	0,8014	0,8037	0,8267	0,9440	0,8020	0,9401	0,8059	0,8750	0,8288	0,8833	0,8360	0,8824	0,8611	0,8582
NOA60	0,8301	0,8174	0,8766	0,8213	0,8707	0,9878	0,8705	0,9629	0,8947	0,9386	0,7528	0,8614	0,8669	0,9013	0,9091	0,8766
NOA183	0,6904	0,6958	0,8853	0,7959	0,8443	0,9437	0,8330	0,9086	0,8045	0,8949	0,8409	0,8841	0,8540	0,8696	0,8859	0,8817
NOA184	0,7891	0,7873	0,7007	0,8128	0,8364	0,9225	0,8380	0,9134	0,7007	0,9299	0,8227	0,8786	0,8513	0,8779	0,8769	0,8289
NOA269	0,7932	0,8172	0,8015	0,7994	0,8326	0,9460	0,8334	0,9007	0,7539	0,8996	0,7836	0,9019	0,9041	0,9206	0,9215	0,8116
NOA058	0,6575	0,6811	0,8608	0,8213	0,8702	0,9812	0,8747	0,9799	0,8600	0,9242	0,8765	0,9227	0,8744	0,9081	0,9143	0,9081
NOA182	0,7025	0,6892	0,8690	0,8165	0,8846	0,9846	0,8472	0,9609	0,8593	0,8886	0,8718	0,9149	0,8871	0,9286	0,9295	0,9163
NOA438	0,7512	0,7876	0,7079	0,8350	0,8964	0,9453	0,8738	0,9194	0,7317	0,9627	0,7930	0,9293	0,8779	0,9000	0,8913	0,8631
NOA274	0,6692	0,7039	0,8646	0,7768	0,8636	0,9424	0,8568	0,9523	0,8751	0,8864	0,8106	0,8182	0,8791	0,9023	0,8955	0,8729
NOA465	0,8763	0,8832	0,8945	0,8621	0,8051	0,9735	0,9134	0,9089	0,9288	0,9273	0,8611	0,9386	0,8992	0,9076	0,8914	0,7681
NOA466	0,8992	0,8920	0,9018	0,8902	0,8344	0,9523	0,9409	0,9163	0,9167	0,9318	0,8770	0,9545	0,9169	0,9341	0,9225	0,8001
NOA468	0,8654	0,8559	0,8856	0,8008	0,8174	0,9706	0,9015	0,9510	0,9504	0,9520	0,8750	0,9545	0,8687	0,8490	0,8444	0,7885
NOA256	0,8703	0,8874	0,9276	0,8136	0,7818	0,9652	0,9182	0,9634	0,9432	0,8682	0,8066	0,8773	0,8934	0,8636	0,8727	0,8044
NOA446	0,8654	0,8638	0,9008	0,8303	0,8170	0,9521	0,8987	0,8964	0,9006	0,8886	0,7634	0,7932	0,9038	0,8377	0,8379	0,8236
NOA213	0,8838	0,8519	0,8616	0,7461	0,7234	0,9564	0,9114	0,9955	0,9185	0,9318	0,7803	0,8636	0,9003	0,8980	0,8866	0,8160
NOA451	0,8657	0,8271	0,8287	0,6901	0,6282	0,9935	0,9000	0,9926	0,8843	0,9383	0,7768	0,8614	0,9015	0,9000	0,9045	0,7321
NOA456	0,7625	0,7258	0,8432	0,5901	0,5781	0,9935	0,9068	0,9955	0,8790	0,9773	0,8741	0,9290	0,8722	0,9013	0,9091	0,7366
NOA458	0,8495	0,8365	0,8393	0,6851	0,7943	0,9935	0,8580	0,9682	0,9058	0,9773	0,8182	0,9545	0,9356	0,9500	0,9545	0,8766
NOA461	0,8142	0,7746	0,8093	0,6393	0,6815	0,9773	0,8677	0,9472	0,8642	0,9716	0,8074	0,9068	0,9197	0,9295	0,9250	0,7963
NOA463	0,8449	0,8236	0,9177	0,5991	0,6339	0,9935	0,8636	0,9591	0,9780	0,9318	0,8561	0,9318	0,8851	0,9091	0,9023	0,7934
NOA482	0,8033	0,7754	0,8606	0,8511	0,8369	0,9712	0,9105	0,9653	0,9335	0,9773	0,8864	0,9227	0,9424	0,9412	0,9295	0,8209
NOA212	0,8256	0,8425	0,8750	0,6569	0,7181	0,9935	0,8950	0,9955	0,8642	0,9364	0,8125	0,8682	0,9424	0,9455	0,9455	0,8311
NOABL	0,9212	0,9160	0,7729	0,9545	0,8540	0,9621	0,8775	0,9244	0,8028	0,8939	0,8056	0,9144	0,9131	0,9220	0,9250	0,8660
NOAANT	0,8553	0,8600	0,8491	0,7437	0,7962	0,9443	0,8520	0,9252	0,9182	0,8470	0,7396	0,8932	0,8846	0,8909	0,8886	0,7683

	EEc073	EEci166	EPe001	EPe003	EPe005	EPe080	EPe168	EPe352	EPe361	EPe007	EChol1	EChol2	NOA414	NOA420	NOA211	NOA252
EEc073	0,0000															
EEci166	0,6162	0,0000														
EPe001	0,5771	0,7250	0,0000													

EPe003	0,7733	0,7303	0,8248	0,0000															
EPe005	0,8698	0,9035	0,8684	0,8992	0,0000														
EPe080	0,8454	0,8051	0,7831	0,7355	0,6520	0,0000													
EPe168	0,6240	0,7267	0,5671	0,8376	0,7602	0,7741	0,0000												
EPe352	0,9467	0,9475	0,9020	0,8463	0,6773	0,7667	0,8653	0,0000											
EPe361	0,8167	0,8131	0,6844	0,7697	0,7793	0,6036	0,7188	0,8356	0,0000										
EPe007	0,8710	0,9301	0,8829	0,9032	0,9045	0,8764	0,8760	0,8653	0,8831	0,0000									
EChol	0,8036	0,8433	0,7922	0,8902	0,9245	0,8914	0,8008	0,8561	0,8549	0,8141	0,0000								
EChol	0,8291	0,8329	0,7343	0,8918	0,9055	0,8598	0,7772	0,8581	0,8203	0,8622	0,2965	0,0000							
NOA414	0,9364	0,8750	0,8366	0,9193	0,9000	0,8933	0,8558	0,9318	0,9080	0,8072	0,8588	0,8953	0,0000						
NOA420	0,9099	0,9320	0,8933	0,8531	0,9606	0,8934	0,8553	0,8207	0,9379	0,9761	0,8449	0,8429	0,8888	0,0000					
NOA211	0,9665	0,9280	0,8599	0,9068	0,9773	0,8654	0,9079	0,9205	0,9317	0,8532	0,8532	0,8974	0,7074	0,7449	0,0000				
NOA252	0,9071	0,8647	0,8549	0,9432	0,8205	0,9109	0,8214	0,8929	0,8621	0,8286	0,8554	0,9135	0,5655	0,8904	0,7790	0,0000			
NOA422	0,9506	0,9531	0,8405	0,8129	0,9773	0,9180	0,8446	0,8938	0,9102	0,9034	0,8714	0,8706	0,7851	0,6889	0,6767	0,8472			
NOA426	0,8959	0,8875	0,8209	0,8904	0,9636	0,9158	0,8580	0,9056	0,8677	0,8680	0,7309	0,7615	0,8159	0,7659	0,6795	0,8779			
NOA427	0,8174	0,8345	0,7906	0,8651	0,9405	0,8816	0,8525	0,8785	0,8094	0,9072	0,8447	0,8621	0,9147	0,8119	0,8073	0,8696			
NOA431	0,9020	0,9190	0,8560	0,8801	0,9508	0,9081	0,8764	0,8780	0,8909	0,8909	0,8234	0,8648	0,8081	0,6985	0,6309	0,8386			
NOA432	0,8572	0,8674	0,7929	0,8382	0,9081	0,8402	0,8387	0,8242	0,8317	0,9139	0,8184	0,8261	0,8322	0,7785	0,7864	0,8354			
NOA231	0,9336	0,9191	0,8423	0,9531	0,9045	0,9114	0,8893	0,9318	0,8983	0,8290	0,8429	0,8931	0,4727	0,8875	0,7699	0,5666			
NOA434	0,8814	0,9308	0,8293	0,9167	0,8864	0,9364	0,8375	0,8591	0,9182	0,9393	0,8682	0,8639	0,7382	0,8932	0,8261	0,6881			
NOA272	0,7523	0,7536	0,7111	0,7931	0,8920	0,7876	0,7218	0,9075	0,6845	0,8693	0,7960	0,7751	0,7471	0,8411	0,8170	0,8348			
NOA275	0,8422	0,8420	0,8006	0,8998	0,8985	0,8917	0,8265	0,9169	0,8513	0,8393	0,8601	0,8880	0,5721	0,9066	0,8217	0,5955			
NOA60	0,8400	0,8528	0,7579	0,8363	0,9250	0,9106	0,7816	0,8619	0,8944	0,9135	0,8652	0,8598	0,8076	0,8914	0,8670	0,7234			
NOA183	0,9264	0,8719	0,9007	0,8981	0,9136	0,8462	0,8732	0,9114	0,8903	0,8540	0,8622	0,9131	0,5788	0,8574	0,8341	0,6448			
NOA184	0,8638	0,8612	0,8346	0,8364	0,9750	0,8510	0,8270	0,9346	0,8095	0,8588	0,7477	0,8434	0,7555	0,8046	0,6406	0,7989			
NOA269	0,8015	0,8176	0,7348	0,8061	0,8902	0,8334	0,7349	0,9104	0,7206	0,7928	0,7789	0,7666	0,8185	0,8382	0,7996	0,8024			
NOA058	0,8749	0,8397	0,7799	0,9167	0,8770	0,9023	0,8392	0,9341	0,9028	0,8507	0,8864	0,8942	0,5435	0,9182	0,7909	0,5854			
NOA182	0,8539	0,8348	0,7618	0,9143	0,8930	0,9256	0,8417	0,9443	0,8976	0,8823	0,8514	0,8575	0,5448	0,9428	0,8088	0,5991			
NOA438	0,8913	0,8538	0,8145	0,8310	0,9407	0,8779	0,8169	0,9062	0,8212	0,8733	0,8100	0,8086	0,7555	0,8550	0,6610	0,8146			
NOA274	0,9074	0,9021	0,8423	0,9154	0,7955	0,8745	0,8444	0,8864	0,8886	0,8130	0,8318	0,8586	0,6058	0,9455	0,8267	0,5627			
NOA465	0,8404	0,8358	0,6848	0,7887	0,7437	0,7114	0,7470	0,8997	0,6309	0,8748	0,8866	0,8325	0,8859	0,9283	0,8939	0,8636			

NOA466	0,8427	0,8521	0,6942	0,8319	0,7455	0,7682	0,7579	0,8977	0,7010	0,8701	0,8895	0,8554	0,8795	0,9283	0,8767	0,8727
NOA468	0,8336	0,8565	0,7511	0,8162	0,8412	0,7997	0,8261	0,9192	0,7501	0,8752	0,8994	0,9033	0,9015	0,9662	0,8737	0,8687
NOA256	0,8350	0,8752	0,7992	0,7983	0,7159	0,7827	0,8393	0,9091	0,6771	0,9110	0,8557	0,8268	0,9432	0,9720	0,9500	0,8769
NOA446	0,7923	0,8528	0,7550	0,8066	0,7578	0,7879	0,7941	0,9023	0,6938	0,8997	0,8586	0,8572	0,9066	0,9106	0,9659	0,8633
NOA213	0,8352	0,8657	0,8391	0,8864	0,9091	0,8722	0,8066	0,8409	0,9100	0,7971	0,8947	0,9101	0,8414	0,8568	0,8674	0,8793
NOA451	0,8010	0,8253	0,7812	0,7667	0,8823	0,8152	0,7850	0,8495	0,8454	0,8723	0,8774	0,8385	0,9005	0,9063	0,9528	0,8937
NOA456	0,8148	0,7889	0,8014	0,8058	0,8447	0,7734	0,7885	0,9053	0,8092	0,8544	0,9020	0,8972	0,7463	0,8977	0,8591	0,8700
NOA458	0,9167	0,8700	0,8038	0,8669	0,9318	0,8659	0,8441	0,8409	0,9272	0,8898	0,8788	0,8644	0,8434	0,9011	0,8597	0,8598
NOA461	0,8078	0,8536	0,7580	0,8315	0,8932	0,8285	0,8170	0,8705	0,8616	0,8689	0,8907	0,8737	0,8093	0,9000	0,9091	0,8807
NOA463	0,8642	0,8883	0,8258	0,8404	0,8864	0,8172	0,8946	0,9318	0,8873	0,8498	0,9318	0,9220	0,8273	0,9432	0,9545	0,8723
NOA482	0,8952	0,8498	0,8182	0,9040	0,9159	0,9086	0,8919	0,9146	0,8637	0,8177	0,8582	0,8399	0,7539	0,9778	0,9278	0,8051
NOA212	0,9031	0,8859	0,8667	0,8372	0,9347	0,8710	0,8736	0,8438	0,9515	0,8532	0,8696	0,8706	0,8608	0,9040	0,9068	0,8665
NOABL	0,9039	0,9444	0,9176	0,8644	0,9697	0,8881	0,8659	0,8687	0,9433	0,9822	0,8349	0,8529	0,8936	0,2278	0,7800	0,8793
NOAANT	0,8306	0,8322	0,7599	0,8763	0,6545	0,6414	0,7113	0,7667	0,6598	0,8045	0,7992	0,7940	0,8475	0,8781	0,9176	0,8371

	NOA422	NOA426	NOA427	NOA431	NOA432	NOA231	NOA434	NOA272	NOA275	NOA60	NOA183	NOA184	NOA269	NOA058	NOA182	NOA438
NOA422	0,0000															
NOA426	0,6117	0,0000														
NOA427	0,8225	0,7149	0,0000													
NOA431	0,6994	0,6068	0,7366	0,0000												
NOA432	0,6660	0,6247	0,5465	0,7062	0,0000											
NOA231	0,8767	0,8700	0,8830	0,8688	0,8611	0,0000										
NOA434	0,8409	0,8591	0,8978	0,9034	0,8720	0,7208	0,0000									
NOA272	0,7376	0,7283	0,7032	0,8164	0,6898	0,8126	0,7866	0,0000								
NOA275	0,8858	0,8543	0,8172	0,8723	0,7624	0,5666	0,6715	0,7164	0,0000							
NOA60	0,8035	0,8779	0,8883	0,8569	0,8801	0,8199	0,3886	0,7762	0,7818	0,0000						
NOA183	0,9102	0,8610	0,8853	0,8165	0,8803	0,4574	0,6960	0,7731	0,5710	0,8285	0,0000					
NOA184	0,7677	0,6204	0,6993	0,6280	0,6815	0,7763	0,8023	0,6326	0,7452	0,8122	0,7813	0,0000				
NOA269	0,6928	0,6202	0,7448	0,7394	0,7239	0,8518	0,8294	0,6010	0,7967	0,8368	0,8456	0,6791	0,0000			
NOA058	0,8705	0,8600	0,8895	0,8807	0,8414	0,6092	0,6694	0,7985	0,4263	0,7876	0,5931	0,8146	0,8346	0,0000		

NOA182	0,8993	0,8763	0,8891	0,8842	0,8668	0,6278	0,6263	0,7729	0,4725	0,7181	0,6092	0,8159	0,8336	0,2638	0,0000	
NOA438	0,7344	0,5740	0,7230	0,6304	0,6748	0,8115	0,7914	0,7012	0,7544	0,8192	0,7783	0,6076	0,6567	0,7433	0,7703	0,0000
NOA274	0,8864	0,9167	0,8988	0,9011	0,9091	0,6051	0,4712	0,8027	0,6038	0,5283	0,6528	0,8359	0,8561	0,5199	0,4951	0,7928
NOA465	0,9032	0,9513	0,8719	0,9292	0,8838	0,8654	0,8909	0,7693	0,8907	0,8290	0,8938	0,9068	0,8183	0,8816	0,9081	0,8800
NOA466	0,8792	0,9614	0,9002	0,9269	0,9187	0,8591	0,8955	0,8369	0,9136	0,8286	0,9080	0,9205	0,8534	0,8861	0,9121	0,9037
NOA468	0,9070	0,8530	0,8477	0,8393	0,9205	0,8467	0,9169	0,8121	0,8836	0,8250	0,8780	0,8732	0,8344	0,8712	0,9033	0,8493
NOA256	0,9269	0,8905	0,8905	0,9341	0,9179	0,9083	0,9169	0,8132	0,9068	0,8523	0,9186	0,9220	0,8521	0,9104	0,9086	0,8799
NOA446	0,8877	0,8584	0,8246	0,8628	0,8568	0,8773	0,8987	0,7054	0,8621	0,8523	0,8352	0,8596	0,7176	0,9066	0,9165	0,8374
NOA213	0,9136	0,8753	0,8896	0,7858	0,8951	0,8213	0,9111	0,8662	0,8775	0,8195	0,8890	0,8816	0,9086	0,8907	0,9048	0,8830
NOA451	0,9586	0,9032	0,8224	0,8210	0,8484	0,8630	0,9232	0,8747	0,8775	0,8232	0,8676	0,8294	0,8583	0,9023	0,9321	0,8620
NOA456	0,9367	0,9186	0,8811	0,9203	0,8943	0,7992	0,8409	0,8020	0,8611	0,7477	0,8295	0,8152	0,8691	0,8665	0,8754	0,8867
NOA458	0,9364	0,8895	0,8749	0,8371	0,8792	0,8330	0,8648	0,8566	0,8768	0,8187	0,8693	0,8785	0,8911	0,9000	0,9035	0,8783
NOA461	0,9205	0,9109	0,8336	0,8643	0,8434	0,7688	0,8797	0,7769	0,8039	0,8489	0,8585	0,8399	0,8668	0,8489	0,8592	0,8616
NOA463	0,9636	0,9654	0,9308	0,9199	0,9722	0,7767	0,8255	0,8872	0,8247	0,7795	0,8466	0,8922	0,9256	0,8727	0,8768	0,9447
NOA482	0,9525	0,8750	0,9017	0,9178	0,8679	0,7266	0,8835	0,8368	0,8058	0,8487	0,7963	0,9189	0,8789	0,8197	0,8025	0,8699
NOA212	0,9591	0,9088	0,8700	0,8375	0,8967	0,7881	0,8284	0,9141	0,8121	0,7744	0,7756	0,8270	0,8841	0,8443	0,8559	0,8373
NOABL	0,6973	0,7896	0,8432	0,7760	0,7848	0,8986	0,9023	0,8525	0,9033	0,8904	0,8804	0,7771	0,8711	0,9194	0,9418	0,8685
NOAANT	0,8927	0,8950	0,8255	0,9170	0,8407	0,8354	0,8578	0,7242	0,8432	0,8245	0,8933	0,8978	0,7921	0,8720	0,8881	0,8681

	NOA274	NOA465	NOA466	NOA468	NOA256	NOA446	NOA213	NOA451	NOA456	NOA458	NOA461	NOA463	NOA482	NOA212	NOABL	NOAANT
NOA274	0,0000															
NOA465	0,8295	0,0000														
NOA466	0,8295	0,1689	0,0000													
NOA468	0,8333	0,5949	0,6465	0,0000												
NOA256	0,8515	0,4280	0,5071	0,6044	0,0000											
NOA446	0,8379	0,5254	0,5771	0,6302	0,4884	0,0000										
NOA213	0,8520	0,8619	0,8705	0,8298	0,8412	0,8624	0,0000									
NOA451	0,8687	0,8472	0,8699	0,8154	0,8080	0,8157	0,5781	0,0000								
NOA456	0,8182	0,8149	0,8364	0,7975	0,8072	0,8402	0,6556	0,5691	0,0000							
NOA458	0,8636	0,9381	0,9477	0,7864	0,9409	0,8687	0,7136	0,5739	0,5210	0,0000						
NOA461	0,8239	0,8490	0,8909	0,7818	0,8409	0,8199	0,6091	0,5010	0,4896	0,4352	0,0000					

NOA463	0,7727	0,8626	0,8824	0,8227	0,8023	0,8864	0,6440	0,5633	0,5489	0,5909	0,5216	0,0000				
NOA482	0,7255	0,8808	0,8782	0,8487	0,9205	0,9126	0,7371	0,6739	0,8460	0,7614	0,7417	0,8280	0,0000			
NOA212	0,7813	0,9369	0,9506	0,8347	0,8657	0,8682	0,6001	0,4613	0,6705	0,5142	0,5898	0,6392	0,8076	0,0000		
NOABL	0,9293	0,9399	0,9444	0,9674	0,9859	0,9492	0,8755	0,9351	0,9116	0,9426	0,9199	0,9697	0,9649	0,9454	0,0000	
NOAANT	0,8250	0,7318	0,7914	0,7280	0,7004	0,7063	0,8051	0,8167	0,7510	0,7651	0,7412	0,7836	0,8508	0,8061	0,8867	0,0000

TABLA 11: Análisis de la Varianza Molecular y los estadísticos *F* de Wright resultantes para cada nivel jerárquico.

Source	df	SS	MS	Est. Var.	%
Among Regions	4	1706,225	426,556	1,090	11%
Among Pops	74	6691,082	90,420	4,127	42%
Among Indiv	709	5729,106	8,081	3,367	34%
Within Indiv	788	1060,500	1,346	1,346	14%
Total	1575	15186,912		9,9305	100%

*Número total de Individuos = 788

F-Statistics	Value	P(rand >= data)
Fr	0,110	0,001
Fsr	0,467	0,001
Fst	0,525	0,001
Fis	0,714	0,001
Fit	0,864	0,001

TABLA 12: Unigenes de la genoteca de *C. quinoa* con similitud significativa resultado del BLASTX. Se indica el ID de la secuencia, la descripción putativa y características del Blast, asignación GO y anotación. Los Procesos biológicos (P) resaltados están relacionados a mecanismos de defensa.

Seq. Name	Seq. Description	Seq. Length	#Hits	min. eValue	mean Similarity	#GOs	GOs	Enzyme Codes
gi 47561792	translation factor	466	20	1,64E-49	94.15%	2	P:translational initiation; F:translation initiation factor activity	-
gi 47561775	inner mitochondrial membrane protein	987	20	1,23E-55	76.5%	4	F:P-P-bond-hydrolysis-driven protein transmembrane transporter activity; C:integral to membrane; C:mitochondrial inner membrane presequence translocase complex; P:protein targeting to mitochondrion	-

gi 47561773	pollen allergen-like protein	6,97E+02	20	4,96431E-45	72.8%	2	P:response to stimulus; C:membrane	-
gi 47561772	translationally controlled tumor protein	344	20	2,26E-18	91.8%	1	C:cytoplasm	-
gi 47561771	heat- and acid-stable phosphoprotein	5,45E+02	20	6,73691E-17	92.0%	4	P:two-component signal transduction system (phosphorelay); F:DNA binding; F:two-component response regulator activity; P:regulation of transcription, DNA-dependent	-
gi 47561762	lipid transfer protein	685	20	5,89E-30	77.05%	4	P:defense response to fungus; P:lipid transport; P:killing of cells of another organism; F:lipid binding	-
gi 47561757	subtilase family protein	721	20	3,75E-41	71.7%	3	P:negative regulation of catalytic activity; F:identical protein binding; F:serine-type endopeptidase activity	EC:3.4.21.0
gi 47561731	ocs element-binding	8,60E+02	20	0,00657384	63.9%	1	F:binding	-
gi 47561715	arginase	697	20	6,24E-118	91.3%	8	P:putrescine biosynthetic process from arginine; P:arginine catabolic process; C:mitochondrion; P:defense response to bacterium; F:cobalt ion binding; F:arginase activity; F:agmatinase activity; C:chloroplast	EC:3.5.3.1; EC:3.5.3.11
gi 47561708	pollen allergen-like protein	7,36E+02	20	6,44828E-38	73.25%	3	P:defense response; P:response to biotic stimulus; C:membrane	-
gi 47561707	flavonol 4 -	808	20	8,24E-100	75.1%	3	P:jasmonic acid metabolic process; F:hydroxyjasmonate sulfotransferase activity; P:response to jasmonic acid stimulus	-
gi 47561701	nascent polypeptide associated complex alpha chain	862	20	2,38E-47	94.15%	2	P:response to salt stress; C:cytosolic ribosome	-
gi 47561696	lipid transfer protein	657	20	4,90E-12	73.6%	3	P:defense response; P:multi-organism process; P:transport	-
gi 47561693	pollen allergen-like protein	6,67E+02	20	3,53994E-45	72.8%	2	P:response to stimulus; C:membrane	-
gi 47561678	pollen allergen-like protein	717	20	4,56875E-45	72.4%	2	P:response to stimulus; C:membrane	-
gi 47561675	pollen allergen-like protein	735	20	6,44828E-38	72.5%	3	P:defense response; P:response to biotic stimulus; C:membrane	-
gi 47561671	50s ribosomal protein l18	755	20	1,11E-50	90.05%	5	C:ribosome; C:chloroplast envelope; F:structural constituent of ribosome; P:ribosome biogenesis; P:translation	-
gi 47561670	wd-40 repeat protein	751	20	1,78E-140	91.05%	16	P:seed germination; P:root development; P:regulation of translation; C:nucleolus; P:cellular response to abscisic acid stimulus; F:receptor activity; F:myosin heavy chain kinase activity; C:heterotrimeric G-protein complex; P:ribosome biogenesis; F:protein binding; F:nucleotide binding; P:phosphorylation; C:chloroplast; P:shoot development; P:response to cadmium ion; C:cytosolic ribosome	EC:2.7.11.7
gi 47561669	protein	555	20	8,12E-81	73.65%	6	P:carbohydrate metabolic process; C:vacuole; C:plant-type cell wall; C:apoplast; F:maltase activity; F:carbohydrate binding	EC:3.2.1.20
gi 47561665	rna recognition motif-containing protein	843	20	6,85E-84	85.75%	4	C:ribonucleoprotein complex; F:nucleotide binding; C:membrane; F:RNA binding	-
gi 47561664	atp binding protein	750	20	9,85E-38	78.9%	2	F:nucleoside-triphosphatase activity; F:ATP binding	EC:3.6.1.15

gi 47561653	osmotin-like protein	832	20	8,4928E-127	80.15%	4	P:response to other organism; C:extracellular region; C:cytoplasmic membrane-bounded vesicle; C:plant-type cell wall	-
gi 47561652	protein	525	20	5,06231E-23	83.8%	2	C:anchored to membrane; C:cytoplasmic membrane-bounded vesicle	-
gi 47561650	hypothetical protein VITISV_002957 [Vitis vinifera]	501	5	0,00149393	85.4%	1	F:DNA binding	-
gi 47561649	cytochrom p450-like protein	545	20	5,15E-41	82.6%	8	C:endomembrane system; F:flavonoid 3'-monooxygenase activity; P:pollen tube development; F:electron carrier activity; F:heme binding; P:double fertilization forming a zygote and endosperm; F:oxygen binding; P:oxidation reduction	EC:1.14.13.21
gi 47561647	lipid transfer protein	533	20	2,25E-16	74.9%	4	P:defense response to fungus; P:lipid transport; P:killing of cells of another organism; F:lipid binding	-
gi 47561644	subtilase family protein	709	20	3,19E-41	71.7%	3	P:negative regulation of catalytic activity; F:identical protein binding; F:serine-type endopeptidase activity	EC:3.4.21.0
gi 47561631	calmodulin	809	20	1,95E-50	97.95%	11	P:oxidation reduction; F:calcium ion binding; P:regulation of photomorphogenesis; F:2-alkenal reductase activity; P:detection of calcium ion; C:vacuolar membrane; F:protein binding; P:pollen germination; P:protein catabolic process; P:calcium-mediated signaling; C:plasma membrane	EC:1.3.1.74
gi 47561629	subtilase family protein	615	20	7,16E-43	72.0%	3	P:negative regulation of catalytic activity; F:identical protein binding; F:serine-type endopeptidase activity	EC:3.4.21.0
gi 47561628	ubiquitin activating enzyme e1	265	20	7,85E-04	87.75%	4	F:ATP binding; F:small protein activating enzyme activity; P:protein modification process; F:ligase activity	-
gi 47561626	40s ribosomal protein s28	479	20	6,98E-21	95.55%	3	C:ribosome; F:structural constituent of ribosome; P:translation	-
gi 47561625	protein	412	20	1,64E-27	80.8%	3	P:protein folding; F:heat shock protein binding; F:unfolded protein binding	-
gi 47561624	eukaryotic translation initiation factor 5a2	730	20	2,32E-86	94.1%	8	F:translation initiation factor activity; P:translational initiation; F:translation elongation factor activity; P:translational frameshifting; P:peptidyl-lysine modification to hypusine; P:positive regulation of translational termination; F:ribosome binding; P:positive regulation of translational elongation	-
gi 47561616	purine permease 4	710	20	1,49E-28	72.8%	3	F:purine transmembrane transporter activity; C:integral to membrane; P:purine transport	-
gi 47561606	lipid transfer protein	717	20	2,44E-41	77.9%	4	P:defense response to fungus; P:lipid transport; P:killing of cells of another organism; F:lipid binding	-
gi 47561600	pollen allergen-like protein	5,29E+02	20	9,32415E-39	74.25%	2	P:response to biotic stimulus; P:defense response	-
gi 47561592	peroxidase 52	8,03E+02	20	2,4936E-117	81.65%	7	P:hydrogen peroxide catabolic process; F:protein binding; F:heme binding; C:cell wall; F:peroxidase activity; C:apoplast; P:oxidation reduction	EC:1.11.1.7
gi 47561578	40s ribosomal protein s11	575	20	4,96E-68	95.6%	8	F:structural constituent of ribosome; P:embryonic	-

							development ending in seed dormancy; C:cell wall; C:cytosolic small ribosomal subunit; C:chloroplast; C:membrane; P:translation; F:rRNA binding	
gi 47561576	reductase 2	444	20	1,36E-43	75.7%	4	F:6'-deoxychalcone synthase activity; F:oxidoreductase activity; P:oxidation reduction; F:acyltransferase activity	EC:2.3.1.170
gi 47561549	eukaryotic translation initiation factor 2 beta subunit	851	20	4,04E-123	86.05%	3	F:metal ion binding; P:translational initiation; F:translation initiation factor activity	-
gi 47561548	lipid transfer protein	496	20	5,79E-28	76.7%	4	P:defense response to fungus; P:lipid transport; P:killing of cells of another organism; F:lipid binding	-
gi 47561543	lipid transfer protein	508	20	4,94E-19	75.5%	4	P:defense response to fungus; P:lipid transport; P:killing of cells of another organism; F:lipid binding	-
gi 47561542	secretory peroxidase	564	20	3,21E-24	95.5%	6	C:endomembrane system; F:heme binding; F:peroxidase activity; P:oxidation reduction; F:protein binding; P:response to oxidative stress	EC:1.11.1.7
gi 47561541	pollen allergen-like protein	706	20	2,91684E-39	74.25%	3	P:defense response; P:response to biotic stimulus; C:membrane	-
gi 47561539	tubulin-specific chaperone a	483	17	1,88E-16	-	4	P:cytokinesis; F:unfolded protein binding; P:tubulin complex assembly; C:microtubule	-
gi 47561524	protein phosphatase	947	20	-	90.6%	6	C:protein serine/threonine phosphatase complex; F:metal ion binding; F:protein serine/threonine phosphatase activity; C:plasma membrane; P:response to abscisic acid stimulus; P:protein amino acid dephosphorylation	-
gi 47561513	lipid transfer protein	480	20	5,37E-41	77.0%	4	P:defense response to fungus; P:lipid transport; P:killing of cells of another organism; F:lipid binding	-
gi 47561511	60s ribosomal protein l10a-1	601	20	1,03E-98	96.6%	7	C:nucleolus; F:structural constituent of ribosome; C:plasma membrane; F:RNA binding; C:cytosolic large ribosomal subunit; P:translation; P:RNA processing	-
gi 47561508	glyoxalase ii	765	20	4,01E-77	82.1%	6	P:methylglyoxal catabolic process to D-lactate; F:hydroxyacylglutathione hydrolase activity; F:beta-lactamase activity; P:antibiotic catabolic process; C:chloroplast; F:zinc ion binding	EC:3.1.2.6; EC:3.5.2.6
gi 47561487	lipid transfer protein	353	20	5,70E-32	75.85%	4	P:defense response to fungus; P:lipid transport; P:killing of cells of another organism; F:lipid binding	-
gi 47561479	subtilase family protein	4,72E+02	20	2,44125E-41	72.45%	3	P:negative regulation of catalytic activity; F:identical protein binding; F:serine-type endopeptidase activity	EC:3.4.21.0
gi 47561474	lipid transfer protein	529	20	2,79E-35	75.9%	4	P:defense response to fungus; P:lipid transport; P:killing of cells of another organism; F:lipid binding	-
gi 47561470	aba-induced protein	500	20	2,18E-43	81.3%	3	P:response to abscisic acid stimulus; F:calcium ion binding; P:drought recovery	-
gi 47561467	40s ribosomal protein	672	20	6,71E-38	93.15%	5	F:structural constituent of ribosome; P:ribosome biogenesis; C:cytosolic small ribosomal subunit; C:chloroplast; P:translation	-
gi 47561466	monosaccharide-sensing protein 2	756	20	2,85E-87	72.55%	5	F:oxidoreductase activity; P:transport; C:vacuolar membrane; F:sugar:hydrogen symporter activity; F:nucleoside transmembrane transporter activity	-

gi 47561462	cinnamyl alcohol dehydrogenase	7,90E+02	20	1,95692E-80	87.65%	4	P:cellular metabolic process; F:coenzyme binding; F:alcohol dehydrogenase (NAD) activity; C:plasma membrane	EC:1.1.1.1
gi 47561435	lipid transfer protein	361	20	4,75E-41	76.25%	4	P:defense response to fungus; P:lipid transport; P:killing of cells of another organism; F:lipid binding	-
gi 47561430	40s ribosomal protein	614	20	1,06E-26	93.05%	6	F:structural constituent of ribosome; P:ribosome biogenesis; C:cytosolic small ribosomal subunit; C:chloroplast; C:membrane; P:translation	-
gi 47561428	ribosomal protein l7 l12 domain-containing protein	466	13	2,24E-23	-	4	F:structural constituent of ribosome; C:large ribosomal subunit; P:translation; C:mitochondrion	-
gi 47561426	uncharacterized protein	573	19	3,67E-41	-	2	C:cytoplasmic membrane-bounded vesicle; C:chloroplast thylakoid membrane	-
gi 47561422	light harvesting chlorophyll a b-binding protein	709	20	1,16E-121	90.5%	8	F:metal ion binding; P:photosynthesis, light harvesting; C:photosystem II; P:protein-chromophore linkage; F:chlorophyll binding; C:integral to membrane; C:photosystem I; C:chloroplast thylakoid membrane	-
gi 47561419	protein	691	20	3,68E-34	78.85%	4	P:red light signaling pathway; P:response to water deprivation; P:blue light signaling pathway; C:nucleus	-
gi 47561414	non-symbiotic hemoglobin 2	6,74E+02	20	2,00218E-70	81.3%	6	F:heme binding; P:response to cytokinin stimulus; F:oxygen transporter activity; P:oxygen transport; P:nitrogen fixation; F:oxygen binding	-
gi 47561410	histone h4	534	20	4,41E-40	100.0%	12	C:cytosol; C:nucleosome; P:response to water deprivation; C:mitochondrion; C:nucleolus; F:DNA binding; C:vacuolar membrane; C:thylakoid; F:protein binding; P:nucleosome assembly; C:chloroplast; C:plasma membrane	-
gi 47561389	metallothionein	495	20	3,05E-18	71.65%	1	F:metal ion binding	-
gi 47561388	defensin protein	410	20	1,03E-19	69.6%	2	P:defense response; P:multi-organism process	-
gi 47561387	mlp-like protein 28	599	20	7,77E-20	61.15%	2	F:protein binding; C:chloroplast	-
gi 47561384	gibberellin-regulated protein 1	550	20	4,61E-16	71.1%	6	C:plant-type cell wall; P:response to gibberellin stimulus; P:unidimensional cell growth; F:protein binding; P:response to abscisic acid stimulus; P:response to brassinosteroid stimulus	-
gi 47561383	non-specific lipid transfer protein	372	20	6,56E-07	71.35%	3	P:defense response; P:multi-organism process; P:transport	-
gi 47561374	cucumber peeling	356	20	1,10E-20	68.75%	1	C:cytoplasmic membrane-bounded vesicle	-

TABLA 13: Detalle de los *primers* EST-SSR diseñados sobre los unigenes de la genoteca de *C. quinoa*. Se indica el ID de la secuencia, la longitud en pb, el tipo de motivo SSR y su ubicación en la secuencia, el *primer* diseñado y el tamaño de producto esperado. Los *primers* EST-SSR indicados con un recuadro fueron testeados sobre el germoplasma de *C. quinoa*.

Name/ID	SeqLen	SSR						ORF			GC %	Primers		
		# SSRs	# bp	Motif	#Repeats	Start	Stop	Start	Stop	INORF		Forward	Reverse	Product Size
Contig2	514	1	3	tga	5	156	170	3	296	Y	34	CGTCAACGTTGGAAATGATAGA	GAAGNGTATTGCAGCAAGGATT	182
Contig4	612	1	4	tgta	3	525	536	29	355	N	37			
Contig8	729	1	5	atatac	3	15	29	205	330	N	38			
Contig14	848	1	2	ct	5	20	29	80	403	N	49			
Contig15	748	1	4	gcaa	3	125	136	122	337	Y	34	CTCATTGCAGTGGGCAATAATA	TGTTGTATGAACCAGGTTGGAG	288
Contig17	696	1	3	tgc	4	319	330	80	433	Y	42	CACTGGGATTAAGGCTCTCAAC	GACTCGCCAAAGATCGAATATC	287
Contig19	766	2	3	tgc	4	339	350	142	453	Y	41	ACAAGAAAGTTGCATGTGGTTG	TACGTGATATGACTCGCCAAAG	276
Contig19	766	2	3	ata	4	524	535	142	453	N	41	TGTGGTGTAGCATTCCTTACG	TACGTGATATGACTCGCCAAAG	187
Contig31	695	1	3	ctg	5	429	443	62	220	N	45	TGTTTTCATGTGCTATCCACTCC	AAGCTTCCGATGAACATGACTT	200
Contig37	604	1	5	tttga	3	512	526	3	152	N	41	GAAAGGTTATCCAAGTCAAGG	ANAAGCTGATTACATTCACGC	261
gi 47561775	987	1	4	atga	3	757	768	0	0	N	43	GATGTTTTCAATAGTGCGGTTG	GAATTCGACTGCCTGTTTCTTT	292
gi 47561771	545	1	3	gaa	4	14	25	0	0	N	39			
gi 47561767	465	1	2	ta	7	328	341	0	0	N	42			
gi 47561735	485	1	2	ct	5	52	61	0	0	N	32	GCTTTTCACGTTTCAACATCTC	CGCTCCTTGTTACTTTCTTCGCT	223
gi 47561731	860	1	4	atgt	3	765	776	0	0	N	35			
gi 47561715	697	1	4	tcag	3	449	460	0	0	N	46	TGGGGCATAACTCTTCATTTCT	ATGGTCACCACCTAAAACCATC	269
gi 47561707	808	1	3	aag	4	83	94	0	0	N	37	TTGGGTACTIONTAGCAGAAATGGC	TAACCAAGTAGTGCCGGATTTT	281
gi 47561701	862	1	3	gat	4	224	235	0	0	N	44	TGAACCTGTGTTGAGGATGAC	CTCAGATCTTCAATCTTCGCCT	300
gi 47561696	657	1	3	tgc	4	260	271	0	0	N	44	CACTGGGATTAAGGCTCTCAAC	GACTCGCCAAAGATCGAATATC	286
gi 47561671	755	2	3	ctt	4	90	101	0	0	N	42	TCTCATCCTTCCATTCACCTTT	TGAATGATTGGAGGAGTTTGTG	100
gi 47561671	755	2	4	ttta	3	643	654	0	0	N	42	TAAATCCCTTCTGTGAGAA	GCTTCAACCTCTGCAAAATGTAA	184
gi 47561669	555	1	5	tcttt	3	25	39	0	0	N	42	AAAGGAATCCCTATAGCACGTC	TTGACAGATACCACACCAGGTC	137
gi 47561665	843	2	4	acga	3	20	31	0	0	N	45			
gi 47561665	843	2	2	ga	5	163	172	0	0	N	45	AACGATAGGAAAGGGGAATTA	AAAGGAGCGAAGAAACAATCTG	226
gi 47561652	525	1	4	ataa	3	1	12	0	0	N	34			
gi 47561651	707	2	3	gcc	4	150	161	0	0	N	45	CAAATCAAACCTTCATACCCCC	GATCTTGTAGGTTTCGACGCTC	246
gi 47561651	707	2	3	aag	4	237	248	0	0	N	45	CAAATCAAACCTTCATACCCCC	GATCTTGTAGGTTTCGACGCTC	246
gi 47561650	501	1	5	ttttg	3	42	56	0	0	N	41			
gi 47561649	545	1	3	tcc	5	200	214	0	0	N	48	ACAACTCTTCTTTGGGTTCA	AGTACGTGACCCCATCTTGAGT	243
gi 47561639	556	1	4	caaa	3	15	26	0	0	N	40			

gi 47561631	809	1	3	att	4	676	687	0	0	N	42	GTCAAGGTTATGATGGCCAAGT	AAAACCTGTAGAACCCAGGNC	278
gi 47561625	412	2	2	tc	5	31	40	0	0	N	48			
gi 47561625	412	2	5	cgggt	3	185	199	0	0	N	48	TGAAGTCAGTCTTGGACCAGAA	CACATCACCATCTGACCATCTC	116
gi 47561616	710	1	3	ccg	4	90	101	0	0	N	40	TCTCCATTTTCATGNTTACTCC	AGCACCATGTAACGTTTTGTG	163
gi 47561592	803	1	3	ctt	4	71	82	0	0	N	43			
gi 47561578	575	2	3	ctt	4	12	23	0	0	N	47			
gi 47561578	575	2	2	tc	5	48	57	0	0	N	47	AGCCACTTCTTCTTCTTCCCTTG	GCTTTCCTTTCCAGTTTTCTT	183
gi 47561558	630	1	2	ta	5	420	429	0	0	N	38	AGTTAATTGCTTCAGTCAGGGC	TGCAGCATGCATCAAATTACC	243
gi 47561549	851	1	3	aag	4	301	312	0	0	N	41	TGAACCTCTGGATAAATTGGCT	CAAAACTATCCCCTCTCCCTCT	196
gi 47561542	564	1	3	atc	4	207	218	0	0	N	33	TCATTGTGGACCATCAACTAGC	CATTAATCCATGCACAACAAGG	236
gi 47561524	947	1	3	tga	4	855	866	0	0	N	43	GTGACATGGAGTTCAAGCAAAA	TACAAAATCAACAAGGTGCTGG	167
gi 47561519	431	1	3	tga	4	230	241	0	0	N	41	TGAAGAGGCACATATGTCAACC	GAGGGGAAC TAACGAAAAATCC	176
gi 47561508	765	1	3	tca	4	386	397	0	0	N	41	GATCCTTCTGAAGCCGTATCTG	CTTTTGTATGGCCAGGAGTTTC	259
gi 47561502	499	1	5	aatcc	4	61	80	0	0	N	37	GAGGTGATGGACTTGGTAGGAG	CCTCACACTAAACCCTGAAGC	167
gi 47561494	573	1	4	ctat	3	444	455	0	0	N	38	CATTAGGGTTCGGTCATTGATT	CAAATGCAAGTACATGGAGCTA	165
gi 47561470	500	1	2	at	7	365	378	0	0	N	37	AAGCTTATTCGAGCAGATGGAG	CCCATGAACACNNTTGAGAAGAG	191
gi 47561466	756	1	3	tga	4	72	83	0	0	N	46	AGAAAACCAAGATGGGGAAGAT	TCGCCTTCTCTACCCCTAATG	267
gi 47561452	540	1	2	ag	10	517	536	0	0	N	47			
gi 47561428	466	1	2	tc	5	88	97	0	0	N	38	CAAATCNATGTTGCAAACCTT	AGGGTTTTGGAATTAACCCAGT	171
gi 47561426	573	1	3	tga	5	143	157	0	0	N	42	GAAATNCGACAGCAAGAACAGA	AGCCCCTTATTATAGGTAGCC	298
gi 47561423	673	1	3	aca	5	280	294	0	0	N	38	AAAAAGATTGAGCGAGACTTG	AGGTACAAGTGAAGGAGGGCA	166
gi 47561419	691	1	3	ttc	5	203	217	0	0	N	41	GGTGATCTATGGAGCTCTCGTC	ATTGTGATGTGACCAACCATGT	269
gi 47561414	674	1	4	gaaa	3	33	44	0	0	N	36			
gi 47561413	533	1	3	tgg	5	220	234	0	0	N	47	CTCTGGAGGCTATGGTGAGACT	GTAGTCTGAGGAACCATAGCGG	162
gi 47561407	392	2	3	aca	4	4	15	0	0	N	38			
gi 47561407	392	2	3	caa	5	80	94	0	0	N	38	CACAACAACAACAACCCAATCT	CAGGAGGACTTATAGTCGGGTG	141
gi 47561399	608	1	3	tat	4	576	587	0	0	N	37			
gi 47561389	495	3	4	ttaa	3	280	291	0	0	N	41	AACTGTGGTTGCGGATCTAACT	CCAGAAACATAACGCAGAAACA	299
gi 47561389	495	3	3	att	4	341	352	0	0	N	41	ATCTCGTTCTCTGAAGGAGCAG	TCATATGGCTGCGATAATACGA	253
gi 47561389	495	3	5	atatg	3	408	422	0	0	N	41			

TABLA 14: Detalle de los *primers* EST-SSR diseñados sobre los unigenes de la genoteca de *C. album* que presentaron asignación GO. Se indica el ID de la secuencia, el tipo de SSR, el *primer* diseñado y el tamaño de producto esperado. Los *primers* EST-SSR indicados con un recuadro fueron testeados sobre el germoplasma de *C. quinoa*.

Name/ID	SSR				Primers		
	# SSRs	# bp	Motif	# Repeats	Forward	Reverse	Product Size
gi 212727959	1	2	ga	5	TTTTCTCCTCCTCTCTGGTTG	GCTAATGAGGTCCTGGTAAACG	106
gi 212727927	1	3	atg	4	CAGTTGTTTCAGCCAATGAAGA	AAGTCTCTCTCCTGCATCATCC	125
gi 212727888	1	3	gaa	4	CCATCTACACATGGCAAGAAAA	GGGCTTAGTCTCATTGGTCAAC	155
gi 212727867	2	3	taa	4			
gi 212727867	2	3	aat	5			
gi 212727780	1	4	ttga	5	ATGAAGTGCATGGATTTACGTG	GTCATACCCACATTGGAAGCTT	285
gi 212727774	1	3	gct	4	GATGGAAGGTTTTGGTGAATA	CGAGTTTTGACCAGAGAAATCC	226
gi 212727709	1	3	cat	4	TATGATCCAGGAGGAAGATGCT	CCACCAGTATGATATCGCAAAA	199
gi 212727633	1	2	ta	5	AGCAGCCCAATATACAACCTCC	TTGATTGATCATTACAGGGCAG	131
gi 212727625	1	4	gttg	3	GGAGGGCTACTGAGAAGACTGA	TCTTTGTCTACCCTCCGTCCT	152
gi 212727599	1	4	tcca	3	GACTGGGATGGGTATTGTTTGT	GTTCTTTAAACCCCAAGCCTCT	271
gi 212727564	1	3	aag	4	GCTCTCCAAGATTAAGGTGGTG	CTTCTTGGGACGAAGATCAAGT	133
gi 212727530	1	2	ag	5			
gi 212727374	1	4	taat	3			
gi 212727342	1	3	ttg	4	TAAAACCCAGAATAATGTCGCC	CCCATTAAAAATGAAGCAGCTC	133

TABLA 15: Asignación GO sobre unigenes de la genoteca de *C. album*.

Name/ID	SSR				Asignacion GO		
	# SSRs	# bp	Motif	# Repeats	Localizacion	Proceso	Funcion
gi 212727959	1	2	ga	5	Citoplasma		
gi 212727927	1	3	atg	4	Mitocondria	transporte, biosintesis de auxinas	phosphonate transmembrane-transporting ATPase
gi 212727888	1	3	gaa	4	Mitocondria	RNA-dependent DNA replication, protein folding (chaperona) response to water deprivation	Union al RNA
gi 212727867	2	3	taa	4	Reticulo endoplasmico	glucuronoxylan biosynthetic process (sintesis de almidon)	polygalacturonate 4-alpha-galacturonosyltransferase
gi 212727867	2	3	aat	5			
gi 212727780	1	4	ttga	5			nucleic acid binding, transferase activity
gi 212727774	1	3	gct	4	Membrana plasmática, estroma del cloroplasto	Fotoperiodo, floración.	Asimilacion de sulfato. Actividad sulfatoadenyltransferase (ATP)
gi 212727709	1	3	cat	4	Intracelular		Union al ion zinc
gi 212727633	1	2	ta	5	Membrana del cloroplasto		
gi 212727625	1	4	gttg	3	Membrana plasmática	Biosintesis de auxinas	Actividad protein serine/threonine kinase unión al ATP
gi 212727599	1	4	tcca	3	Actividad alanine-glyoxylate transaminase	Union al pyridoxal phosphate	Actividad serine-pyruvate transaminase
gi 212727564	1	3	aag	4	Constituyente estructural del ribosome	Traducción	Biogénesis ribosoma
gi 212727530	1	2	ag	5	Núcleo	Regulacion positiva de la transcripción	Factor de elongacion de la traducción
gi 212727374	1	4	taat	3	Núcleo	Respuesta a stress	
gi 212727342	1	3	ttg	4	Membrana		Actividad transferasa

TABLA 16: Detalle de los *primers* EST-SSR desarrollados. Nombre del *primer*, detalle del oligo, denominación gi de la secuencia de procedencia, longitud de la secuencia, asignación Gene Ontology (proceso biológico –p; función molecular –f; componente celular –c) y el código de la enzima.

ID - Primer SSR	Oligo	GenBank gi	Descripción de secuencia	Longitud de la secuencia	# Hits	Min. E - Value	Similaridad promedio	#GOs	Asignación Gene Ontology	Código Enzima
CA927 - F	CAGTTGTTTCAGCCAATGAAGA	gi 212727927	abc transporter	339	20	1,69E-27	79.35%	9	P:transport; P:auxin biosynthetic process; C:mitochondrion; F:phosphonate transmembrane-transporting ATPase activity; C:plastid; C:ATP-binding cassette (ABC) transporter complex; F:ATP binding; F:DNA topoisomerase (ATP-hydrolyzing) activity; P:DNA topological change; F:RNA binding; P:RNA-dependent DNA replication; P:response to water deprivation; C:mitochondrion;	EC:3.6.3.28; EC:5.99.1.3; EC:2.7.7.49
CA927 - R	AAGTCTCTCTCCTGCATCATCC									

									P:protein folding; P:embryonic development ending in seed dormancy; P:response to salt stress; P:response to chlorate; F:RNA-directed DNA polymerase activity; P:response to heat; F:ATP binding; C:chloroplast stroma; F:unfolded protein binding; P:de-etiolation; C:plasma membrane	
CA888 - F	CCATCTACACATGGCAAGAAAA								P:sulfate assimilation; F:sulfate adenylyltransferase (ATP) activity; C:heterotetrameric ADPG pyrophosphorylase complex; P:photoperiodism, flowering; P:starch biosynthetic process; C:chloroplast stroma; F:glucose-1-phosphate adenylyltransferase activity; P:response to cadmium ion; C:plasma membrane; C:apoplast	EC:2.7.7.4; EC:2.7.7.27
CA888 - R	GGGCTTAGTCTCATTGGTCAAC	gi 212727888	chaperone protein htpg family protein	282	20	1,38E-21	79.7%	15		
CA774 - F	GATGGAAGGTTTTGGTGAATA								P:auxin biosynthetic process; F:protein serine/threonine kinase activity; C:integral to membrane; P:transmembrane receptor protein tyrosine kinase signaling pathway; C:cytoplasmic membrane-bounded vesicle; F:ATP binding; F:protein binding; C:endomembrane system; P:unidimensional cell growth; P:plant-type cell wall organization; F:transmembrane receptor protein tyrosine kinase activity; C:plasma membrane; P:protein amino acid phosphorylation	EC:2.7.11.0; EC:2.7.10.1
CA774 - R	CGAGTTTTGACCAGAGAAATCC	gi 212727774	atp sulfurylase	557	20	4,17E-61	95.45%	10		
CA625 - F	GGAGGGCTACTGAGAAGACTGA								C:membrane; F:galactosylgalactosylxylosylprotein 3-beta-glucuronosyltransferase activity	EC:2.4.1.135
CA625 - R	TCTTTGTCTACCCTCCGTCACT	gi 212727625	leucine-rich repeat protein kinase-like protein	754	20	1,27E-120	92.6%	13		
CA342 - F	TAAAACCCAGAATAATGTCGCC								C:membrane; F:galactosylgalactosylxylosylprotein 3-beta-glucuronosyltransferase activity	EC:2.4.1.135
CA342 - R	CCCATTAAAAATGAAGCAGCTC	gi 212727342	glycosyl cazy family gt43	423	10	3,28E-03	75.8%	2		
CQ715 - F	TGGGGCATAACTCTTCATTTCT	gi 47561715	arginase	697	20	6,24E-118	91.3%	8	P:putrescine biosynthetic process	EC:3.5.3.1;

CQ715 - R	ATGGTCACCACCTAAAACCATC									from arginine; P:arginine catabolic process; C:mitochondrion; P:defense response to bacterium; F:cobalt ion binding; F:arginase activity; F:agmatinase activity; C:chloroplast	EC:3.5.3.11
CQ701 - F	TGAACCTGTTGTTGAGGATGAC	gi 47561701	nascent polypeptide associated complex alpha chain	862	20	2,38E-47	94.15%	2	P:response to salt stress; C:cytosolic ribosome	-	
CQ701 - R	CTCAGATCTTCAATCTTCGCCT										
CQ665 - F	AACGATAGGAAAGGGGAATTA	gi 47561665	rna recognition motif-containing protein	843	20	6,85E-84	85.75%	4	C:ribonucleoprotein complex; F:nucleotide binding; C:membrane; F:RNA binding	-	
CQ665 - R	AAAGGAGCGAAGAAACAATCTG										
CQ631 - F	GTCAAGGTTATGATGGCCAAGT	gi 47561631	calmodulin	809	20	1,95E-50	97.95%	11	P:oxidation reduction; F:calcium ion binding; P:regulation of photomorphogenesis; F:2-alkenal reductase activity; P:detection of calcium ion; C:vacuolar membrane; F:protein binding; P:pollen germination; P:protein catabolic process; P:calcium-mediated signaling; C:plasma membrane	EC:1.3.1.74	
CQ631 - R	AAAACCTGTAGAACCCCAAGNC										
CQ578 - F	AGCCAATTCTTCTTCTCCTTG	gi 47561578	40s ribosomal protein s11	575	20	4,96E-68	95.6%	8	F:structural constituent of ribosome; P:embryonic development ending in seed dormancy; C:cell wall; C:cytosolic small ribosomal subunit; C:chloroplast; C:membrane; P:translation; F:rRNA binding	-	
CQ578 - R	GCTTCCCTTTCCAGTTTTCTT										
CQ470 - F	AAGCTTATTCGAGCAGATGGAG	gi 47561470	aba-induced protein	500	20	2,18E-43	81.3%	3	P:response to abscisic acid stimulus; F:calcium ion binding; P:drought recovery	-	
CQ470 - R	CCCATGAACACNTTGAGAAGAG										

FIGURA 1: Precipitación Media Anual de una porción de Sudamérica (límite hídrico, definido por las isohietas de 250 mm, 500 mm y 750 mm) (Falasca and Ulberich, 2008).

