

Capítulo 7

Colección de ajos de INIA: Diversidad, potencialidades y desafíos

Erika Salazar S.

Investigadora Recursos Genéticos, INIA La Platina / esalazar@inia.cl

Carolina Araya M.

Profesional de apoyo Recursos Genéticos, INIA La Platina

Marcela Berríos C.

Asistente de investigación Recursos Genéticos, INIA La Platina

Felipe Aránguiz M.

Tesista Universidad Tecnológica Metropolitana

7.1 Introducción

El reconocimiento de la diversidad genética en un territorio es el punto de partida para la implementación de estudios y programas de conservación de los recursos fitogenéticos, además, sirve como una herramienta de preservación y desarrollo de especies vegetales de interés para la alimentación mundial. Aunado a esto, es necesario reconocer que los estudios de conservación, prospección, recolección, caracterización, evaluación y documentación de los recursos fitogenéticos para la alimentación y la agricultura son esenciales como punto de partida en aras de alcanzar un desarrollo agrícola sostenible.

El género *Allium* agrupa unas 750 especies siendo la mayoría comestibles. Varias especies cultivadas tienen un origen muy antiguo tales como *A. sativum* (ajo), *A. cepa* (cebolla), *A. schoenoprasum* (cebollín), *A. ampeloprasum* (ajo elefante o ajo chilote), *A. tuberosum* (cebollín chino).

Si bien el origen de las especies de *Allium* sigue siendo especulativo, la evidencia sugiere que tanto el ajo como la cebolla se domesticaron por primera vez en las regiones montañosas de Asia Central, y muy probablemente traído a Oriente Medio por Marco Polo y otros viajeros de la ruta de la seda/ruta de las especias (**Figura 1**). Una investigación reciente señala el lado noroeste de las montañas Tien Shan (en Kirguistán, Kazajstán) como el centro de origen más probable del ajo (Block, 2010).

En el caso del ajo, se describen cuatro subgrupos distintos: *Sativum*, *Ophioscorodon*, *Longicuspis*, y *Subtropical*. El grupo *Sativum*, originario de la región mediterránea, fue adaptado por los agricultores de todo el mundo y constituye la forma más común de ajo. Este grupo se caracteriza por la no emisión de escapo floral y por su esterilidad, por lo tanto, su propagación es a través de dientes. Existen muchos cultivares (variedades hortícolas seleccionadas por el hombre a partir de cultivos domesticados) y subgrupos que presentan diferencias morfológicas tanto por la emisión o no del escapo floral, el número, tamaño, forma y color de los bulbillos y la precocidad.

A pesar de esta gran diversidad, la tendencia actual de los sistemas productivos, para esta y otras especies, se encuentra determinada por el cultivo intensivo de unas pocas variedades comerciales de alto rendimiento, con uso intensivo de agroquímicos y abonos no estabilizados, con poca o ninguna rotación de cultivos, ejerciendo presión sobre los recursos suelo, agua y paisaje, afectando los bienes y servicios ecosistémicos actuales y futuros e incrementando los costos de producción. El establecimiento de monocultivos, centrado en unas pocas variedades, sumado a la alta incidencia en la reproducción vegetativa, derivado de las características propias de la especie, trae como consecuencia la pérdida de diversidad genética.

El valor de las colecciones de recursos fitogenéticos reside en la utilización que de ellas se haga para producir nuevos cultivares, domesticar nuevas especies y desarrollar nuevos productos. Las colecciones deben proveer a los mejoradores de variantes genéticas, genes o genotipos, que les permitan responder a los nuevos desafíos planteados por los sistemas productivos, condiciones ambientales y/o requerimientos de mercados. Para ello, es imprescindible conocer las características del germoplasma conservado y así proponer estrategias ambiental y socioeconómicamente viables para el establecimiento de cultivos de importancia agrícola.

7.1.1 Origen y distribución

El ajo es uno de los cultivos agrícolas más antiguos conocido; se ha venido cultivando durante siglos. Referencias históricas señalan que el ajo era conocido por egipcios e indios desde hace unos 5.000 años, y utilizado por babilonios y chinos hace 4.500 y 2.000 años, respectivamente. Hoy en día el ajo crece de manera silvestre sólo en Asia Central (Kirguistán, Tayikistán, Turkmenistán y Uzbekistán) (**Figura 1**), zona definida como centro primario de origen y de diversidad de este cultivo, encontrándose gran diversidad de morfotipos primitivos y fértiles (Etoh y Simon, 2002; Kamenetsky *et al.*, 2007).



Figura 1. Uzbekistan, Kazajistán, Kirguistán y Tadjikistán, Asia Central, centro de origen del ajo. Puntos rojos y azules indican variedades locales y poblaciones naturales, respectivamente (Adaptado de Kamenetsky *et al.* (2005).

Por similitud morfológica y cariotípica, se propone que *A. sativum* procede de la especie botánica *A. longicuspis*, una especie endémica que crece en Asia Central, entre las montañas Kopet Dag en el oeste hasta las montañas Tien Shan en el este, la parte oriental de Turquía y el Cáucaso, región conocida como "Ajo creciente extendido". Se postula que *A. longicuspis* era cultivado hace más de 10.000 años en esta región por culturas seminómadas. Al ser esta región una ruta comercial entre China y el mediterráneo, el ajo se propagó hacia el sur para ser luego introducido a Egipto, el Mediterráneo e India. Desde India su cultivo se dispersó hacia el sud este de Asia. Desde el Cáucaso, el ajo fue introducido a Rusia, Ucrania y Europa del este. Desde Turquía se desplazó al Mediterráneo y el sudeste de Europa, siendo extensamente consumido durante las civilizaciones griegas y romanas. En Inglaterra se comienza a cultivar en 1540.

El ajo llegó a América del Norte y Sur, así como a África desde el Mediterráneo, dado que los clones cultivados en África y América pertenecen al tipo Mediterráneo. Posiblemente, su introducción a América fue a finales del siglo XV de mano de los españoles, siendo adoptado por los indígenas de México principalmente, y luego de forma sucesiva, por los indígenas de América Central y del Sur, incluido Chile.

7.1.2 Taxonomía, clasificación y variedades

El ajo es una especie diploide ($2n=2x=16$) que pertenece a la familia Amaryllidaceae, orden Asparagales. El ajo común corresponde a la especie *Allium sativum*, y tiene va-

rias especies silvestres emparentadas como *A. oleraceum* (ajo silvestre inglés), *A. canadense* (ajo silvestre americano), *A. vineale* (ajo de las viñas de Europa y de América), la especie tetraploide *A. ampeloprasum* (ajo elefante). *Nothoscordum bivalve* (falso ajo) es otra especie silvestre cercana.

A pesar de ser una especie de propagación clonal, existe mucha variabilidad en cuanto a forma y comportamiento agronómico en los ajos. Muchos de sus rasgos son influenciados por las condiciones ambientales donde son cultivados haciendo muy difícil la clasificación infraespecífica. La distinción entre los distintos tipos o subespecies se inició hace 1000 años atrás con su llegada a Europa. A partir de análisis de variaciones morfológicas y fisiológicas, se definen tres subespecies o variedades botánicas para *A. sativum*: *A. sativum* var. *ophioscorodon* o ajo con presencia de escapo floral ('hardneck') y *A. sativum* var. *sativum* o 'softneck', sin escapo. *A. sativum* var. *ophioscorodon* es considerado un tipo más primitivo. La forma en que se produce y emerge el tallo es uno de los descriptores de clasificación de las diferentes variedades dentro del tipo general 'hardneck'. Estas variedades generalmente se consideran como tipos gourmet con un sabor mejor y más complejo. Los tipos 'softneck', sin embargo, suelen no tener buena postcosecha. El tipo *A. sativum* var. *sativum* aparece posteriormente producto de la selección. Este tipo de ajo produce bulbos con más dientes que los 'hardneck', algunos de ellos pequeños y centrales que, se cree, son restos convertidos de lo que alguna vez habría sido un tallo de bulbilo. Algunos botánicos describen una tercera subespecie, *A. sativum* var. *pekinense* (Maaß y Klass, 1995). Posteriormente, las variantes de las subespecies *ophioscorodon* y *sativum* se clasificaron en Rocamble y Continental; y Artichoke, Silverskin y Asiatic, respectivamente (Etoh y Simon, 2002).

Otra clasificación, dice con el hábito de apitonar (bolting en inglés), es decir, emitir o no escapo floral, encontrándose tres subgrupos: los que apitonan, los que no apitonan y los intermedios. Se sugiere que los tipos que no apitonan derivaron de los tipos que apitonan.

7.1.3 Diversidad de ajos en Chile

En Chile el cultivo del ajo se remonta a los tiempos de la Colonia, con embarques de exportación desde 1927 (Kehr, 2002). Según lo reportado por Giaconi y Escaff (1997), en la década de 1980 los ajos más cultivados en el país correspondían a tres tipos: rosado, blanco y morado. Al igual que en otros países, en Chile se les da un nombre común a los ajos dependiendo del lugar donde hayan sido cultivados, ya sea de origen propio o a través de introducciones.

El ajo rosado era el más preferido tanto a nivel nacional como internacional, debido a lo compacto de sus bulbos, su mejor postcosecha y su calidad superior sobre otros como el ajo blanco. Valenciano Rosado, era una de las variedades más difundida que dio origen al denominado ajo chileno. El Rosado Americano fue introducido con posterioridad al territorio chileno y se caracterizaba por la uniformidad del bulbo. Otros tipos de ajo rosado son Rosado Camiña y Rosado de Chillán.

Los ajos blancos son tipos más precoces, de bulbos más grandes, desuniformes y aplastados, hojas más anchas, verde intenso, tallos cortos y con menos hojas envolventes. A este grupo pertenece el Ajo Chino, Blanco de Chillán, Blanco de Camiña y Blanco Argentino, este último con bulbos grandes, deformes, poco consistentes y corta postcosecha.

El ajo morado, es un ajo más rústico que se cultivaba principalmente en la zona central en condiciones extremas de suelo y más templadas pues requería menos horas de frío para bulbificar. Ejemplos de estas variedades son: Morado Ariqueño, Morado Mexicano, Morado Peruano.

A. ampeloprasum es cultivado principalmente en el sur de Chile donde se le denomina localmente Ajo Blandino, Ajo Chilote o Ajo Elefante.

De forma similar a Argentina, en Chile, además de la existencia de ecotipos locales, se han seleccionado variedades de ajos con características especiales, entre las que destacan: Imperial INIA, Los Boldos INIA, Rosado INIA y Akukeli INIA (Escaff, 1991; Matus *et al.* 1999; González, 2006).

7.1.4 Importancia del estudio de la diversidad genética

En diversos países, el ajo ha sido estudiado a través de caracteres morfológicos y fisiológicos, tales como: número y disposición del diente, presencia o ausencia de tallo floral, latencia del diente (importante para duración de postcosecha), requerimiento de temperatura para la diferenciación del brote axilar, umbral de duración del día para la ampliación del bulbo, erección de las hojas, el color de las hojas, la cera de las hojas, la sección transversal de la hoja, la regularidad del bulbo, el color de la piel del bulbo, el número de las escamas externas del bulbo, altura de la planta, peso del bulbo, diámetro del bulbo, diámetro del diente de ajo y rendimiento del bulbo (Lallemand *et al.* 1997; Panthee, 2006). Dependiendo de los datos obtenidos, a través del análisis de estas variables morfológicas, se definen distintas variedades y/o grupos. Un análisis fenotípico de la

colección de ajos de Chile basado en 17 caracteres morfológicos y fenológicos permitió identificar 5 grupos de clones indicando una gran variación fenotípica dentro de la colección (Matus *et al.* 1999). Las diferencias fenotípicas observadas no siempre indican diferencias a nivel genómico. Gran parte de la variabilidad observada suele deberse a la influencia de factores ambientales y/o a la presencia de enfermedades, principalmente virus, afectando la precisión de la clasificación.

Otra problemática a la que se enfrentan los bancos de germoplasma, al conformar colecciones de especies cultivadas, dice relación con su denominación. Es frecuente encontrar ecotipos con la misma denominación (o nombre local) siendo genotípicamente distintos (homonomia), o bien, que presenten distinta denominación teniendo el mismo genotipo (sinonimia). Ejemplos de estas denominaciones se han reportado en colecciones de vid (Ulanovsky, 2001), olivo (Trujillo, 2003) y ajo (Cunha, 2014). Para solucionar este tipo de problemas, es necesaria la diferenciación de variedades a través de técnicas más precisas que no sufran intervención del ambiente, como lo son los marcadores moleculares.

Con el fin de conocer la diversidad y depurar la colección de ajos conservada en el INIA, que representa gran parte de la diversidad existente en nuestro país para esta especie y poder ofrecer alternativas de cultivo de ajo diferentes al tipo chino y rosado que se cultiva actualmente, se realizó un trabajo de caracterización de la colección en el marco del proyecto FIC “Valorización y Diversificación del Cultivo del Ajo”, financiado por el Gobierno Regional de O’Higgins.

7.2 Metodología para la caracterización morfológica y molecular de la colección de ajo de INIA

La actual colección de ajos de Chile está conformada por 135 accesiones de *Allium sativum*, 1 accesión de *A. ampeloprasum* y 1 accesión de *A. vineale*. La colección está conformada por materiales provenientes de Chile, Argentina, México, Bolivia, Brasil, Estados Unidos, Japón, Uruguay y Francia. Para conocer la diversidad morfológica y genética de esta colección, en la temporada 2017–2018, se estableció un ensayo de multiplicación en la unidad demostrativa del proyecto FIC ubicada en dependencias de la Escuela Agrícola San Vicente de Paul, Coltauco, región de O’Higgins (34.2878° S, 71.0856° W), zona que se caracteriza por una temperatura estival e invernal media de 19,7 y 8,6 °C, respectivamente, con una precipitación media anual de 603 mm. El diseño experimental establecido fue bloques completos al azar con 3 repeticiones. Previa desinfección con fungicida y nematicida se sembraron en forma directa, en mayo de

2018, entre 5 y 30 dientes por repetición provenientes de bulbos representativos de cada accesión. Las accesiones representadas por pocos bulbos fueron multiplicadas en el mismo mes en el invernadero del Centro Regional de Investigación INIA La Platina, sembrándose en bolsas individuales un total de 5 dientes por accesión. Se utilizó una mezcla de sustrato estéril compuesta por 70% tierra de hoja y 30% arena. El periodo de cosecha fue fines de diciembre e inicios de enero de 2019.

La caracterización morfológica se realizó sobre las 83 accesiones que conformaron el diseño en bloque. Para ello, en 5 a 10 plantas se midieron 40 descriptores (**Figura 2**) publicados para liliáceas por el IPGRI (2001). Una vez corroborada la normalidad de los residuales de cada variable se procedió a conformar una matriz de doble entrada la que fue utilizada para los análisis estadísticos multivariados.

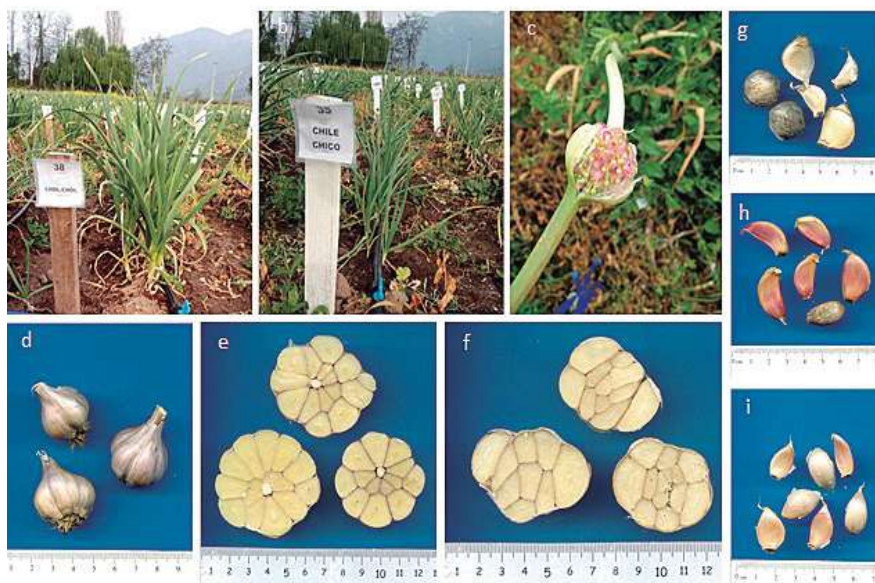


Figura 2. Rasgos morfológicos medidos en este estudio. (a) Follaje accesión N° 38 Rosado (Chile), (b) Follaje accesión N° 35 Chile Chico (Chile), (c) Bulbilos, (d) Bulbo accesión N° 177 F130 Japón Fértil (Japón), (e) Estructura de bulbo y dientes en la accesión N° 51 Rosado Argentino (Bolivia), (f) Estructura de bulbo y dientes en la accesión N° 114 Blanco de Río Imperial (Chile), (g) Diente accesión N° 15 Blanco Mendoza (Argentina), (h) Diente accesión N° 184 Rosado Isla Mocha (Chile), (i) Diente accesión N° 21 Rose de Lautrec (Francia).

La caracterización molecular se realizó sobre las 137 accesiones (724 muestras en total). Para ello se extrajo DNA de tejido de hojas juveniles de entre 1 y 10 plantas por accesión siguiendo el protocolo de Barra *et al.* (2012). Se seleccionaron 7 marcadores tipo microsatélites a partir de literatura (Ma *et al.* 2009; Lee *et al.* 2012), según el grado

Cuadro 1. Características morfológicas de los 5 grupos obtenidos mediante el análisis de conglomerados.

GRUPO	FOLLAJE: NÚMERO DE HOJAS	HOJA: LONGITUD (cm)	HOJA: ANCHO (cm)	PSEUDOTALLO: LONGITUD	PSEUDOTALLO: ANCHO DE LA BASE	PRESENCIA DE ESCAPO FLORAL	FOLLAJE: COLOR VERDE	FOLLAJE: PORTE	HOJA: SEROSIDAD	HOJA: FORMA DE LA SECCIÓN TRANSVERSAL	PSEUDOTALLO: INTENSIDAD PIGMENTACIÓN ANTOCIANICA EN LA BASE	PSEUDOTALLO: TALLO FLORAL	PRESENCIA DE ESCAPO FLORAL
1a	9,37	36,08	1,35	3,76	10,38	0,04	medio	erecto	presente	plana	ausente	ausente	sin
1b	9,27	41,86	1,73	4,46	12,37	0,28	claro	erecto	presente	plana	ausente	ausente	sin
2c	10,44	47,31	2,00	5,40	16,98	0,11	medio	erecto	presente	plana	ausente	ausente	sin
2d	19,59	57,70	2,33	4,90	23,10	0,00	medio	erecto v semierecto	presente	plana	presente	ausente	sin
2e	10,14	48,96	2,04	5,34	15,90	0,33	medio	erecto	presente	plana	ausente	ausente	sin

Cuadro 2. Características del bulbo de los 5 grupos obtenidos mediante el análisis de conglomerados.

GRUPO	ALTO (mm)	ANCHO (mm)	PESO (g)	NÚMERO DE DIENTES	FORMA SECCIÓN LONGITUDINAL	FORMA SECCIÓN TRANSVERSAL	POSICIÓN DE LOS DIENTES EN EL EXTREMO	POSICIÓN DE DISCO RADICULAR	FORMA DE LA BASE	COMPACIDAD DE LOS DIENTES	COLOR DE FONDO DE LAS CATÁFILAS EXTERNAS
1a	23,55	30,15	14,12	9,71	elíptica estrecha transversal	elíptica	al mismo nivel	deprimido	plano	medio	blanco
1b	26,98	39,80	24,64	9,35	elíptica estrecha transversal	elíptica	al mismo nivel	plano	plano	medio	blanco
2c	16,95	32,54	34,48	12,55	elíptica estrecha transversal	elíptica	al mismo nivel	deprimido	deprimido	compacto	blanco
2d	45,87	65,90	78,42	12,36	elíptica estrecha transversal	elíptica	al mismo nivel	deprimido	deprimido	medio	blanco amarillento
2e	31,93	46,45	36,39	11,24	elíptica estrecha transversal	elíptica	al mismo nivel	plano	plano	compacto	blanco amarillento

Cuadro 3. Características del diente de los 5 grupos obtenidos mediante el análisis de conglomerados.

GRUPO	PESO (g)	LONGITUD (mm)	ANCHO (mm)	COLOR DE LA PIEL	ESTRIAS ANTOCIÁNICAS EN LA PIEL	COLOR DE LA PULPA
1a	1,72	20,67	9,62	rosado	presente	blanco
1b	2,67	23,78	13,65	rosado	presente	amarillo
2c	2,70	22,04	9,15	blanco	presente	blanco
2d	5,21	28,56	22,79	violeta	presente	blanco, amarillo y blanco-amarillo
2e	3,52	26,46	13,00	rosado	presente	blanco

En términos generales, el grupo I agrupa accesiones que presentan plantas de menor tamaño y menor número de hojas las cuales son más pequeñas; bulbos de menor peso, menor número de dientes. El grupo 1a y 1b se diferencia principalmente en el color del follaje (verde claro en el grupo 1b y verde medio en 1a), forma transversal del bulbo (elíptico 1a y circular 1b), posición del disco radicular (deprimido 1a y plano 1b) y color de pulpa del diente (blanco en 1a y amarillo en 1b) (**Cuadros 1, 2 y 3**).

El grupo II agrupa accesiones de plantas con mayor número de hojas y de mayor tamaño. El grupo II d agrupa las accesiones con follaje de porte erecto y semi-erecto, con pseudotallo pigmentado, bulbos y dientes de mayor tamaño y peso, con dientes mayoritariamente de color violeta y color de pulpa de diente variado (blanco, blanco-amarillo y amarillo). El grupo II c agrupa accesiones con color de piel principalmente blanco (ajos blancos) (**Cuadros 1, 2 y 3**).

El análisis de componentes principales arrojó que el 84% de la variación morfológica observada se explica por los 5 primeros componentes principales (CP). EL CP 1 explica el 50% de la variación, explicada fundamentalmente por la longitud de la hoja, el ancho del pseudotallo, el ancho y el peso del bulbo, encontrándose en el lado derecho del eje X las accesiones con hojas más largas y pseudotallos más anchos y largos, bulbos más anchos y de mayor peso y dientes más grandes y pesados. El CP 2 explica el 14% de la variación, diferenciándose las accesiones principalmente por rasgos del diente, como número de dientes y ancho del diente, encontrándose en el área positiva del eje y las accesiones con mayor número de dientes y en la negativa las acciones con dientes más anchos (**Figura 4**).

Si bien estos resultados contribuyen al entendimiento de la composición morfológica de la colección, se observó en la caracterización la presencia de más de un tipo de ajo dentro de algunas accesiones lo que podía evidenciar una mezcla de tipos varietales. De ahí, que esta información debe ser considerada como referencial.

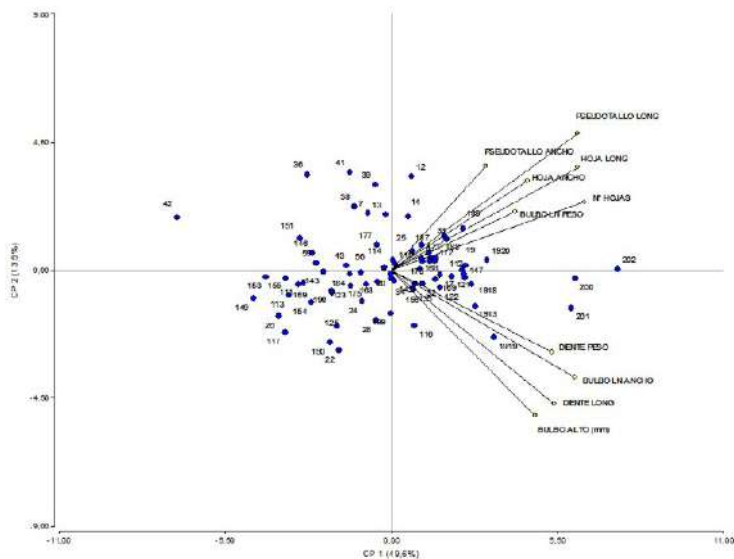


Figura 4: Dispersión de 83 accesiones de la colección chilena de ajos en los dos primeros componentes principales de 12 descriptores cuantitativos. Distribución de las variables originales sobre el primer y segundo componente principal en la caracterización de la colección de ajos.

7.3.2 Caracterización molecular

En total se analizó el DNA de 724 muestras que representa a las 137 accesiones de ajos. Para determinar el grado de pureza clonal de cada accesión se llevó a cabo la identificación de genotipos multilocus (MLG) que se definen como una combinación única de alelos en dos o más loci. Se identificó un total de 173 perfiles genéticos distintos en las 724 muestras analizadas, indicando que hay más variantes genéticas que accesiones que componen la colección. En solo 11 (8%) de las 137 accesiones todos los individuos presentaron el mismo perfil genético, mientras que en el resto de las accesiones se encontró más de un perfil genético indicando que hay mezcla de genotipos en gran parte de la colección (**Cuadro 4**).

Al analizar el número de individuos que conformó cada perfil genético se observó que 87 perfiles están conformados por un solo individuo, mientras que 17 perfiles están conformados por 10 y hasta 59 individuos (**Cuadro 5**). El número de accesiones máximo que componen un perfil es de 19, indicando que un perfil genético está conformado por individuos de orígenes distintos, lo que puede ser explicado debido a la práctica común de intercambio de germoplasma practicado por los agricultores. Posibles errores de codificación o mezclas en la cosecha en los procesos de regeneración de la colección también podrían explicar este resultado.

Cuadro 4. Análisis de la colección de ajos de INIA en función al número de genotipos distintos que se presentaron dentro de cada accesión.

Número de accesiones	Cantidad de MLG *	% del total
11	1	8
26	2	19
41	3	30
29	4	21
23	5	16
5	6	4
1	7	1
1	8	1

*En el MLG, se consideró como perfil genético distinto la existencia de un alelo diferente.

Cuadro 5. Número de perfiles genéticos y cantidad de individuos que lo conforman.

MLG	87	18	12	11	10	6	5	4	4	3	3	2	1	1	1	1	1	1	1	1
Número de individuos	1	2	5	3	4	8	6	7	10	9	14	16	12	15	20	22	30	31	32	59

Mediante un método bayesiano, usando un grado de pertenencia de 90%, y agrupando por individuos y no por accesiones, debido a las mezclas de genotipos observadas dentro de cada accesión, se determinó la existencia de 4 grupos genéticos, más un quinto grupo 'admixture' que incluyó todo individuo que presentó mezcla genética de un segundo, tercer y/o cuarto grupo superando el 10% fijado como límite de asignación a un grupo (**Figura 5**). El grupo 3 (azul) está conformado por 293 individuos provenientes de 58 accesiones, seguido por el grupo 2 (verde) conformado por 144 individuos que representaron a 35 accesiones, el grupo 4 (amarillo) con 139 individuos de 34 accesiones y el grupo 1 (rojo) agrupó a 84 individuos de 19 accesiones. Un total de 64 individuos se consideraron en el grupo 'admixture'. Se identificaron 95 accesiones que presentaron todos sus individuos en el mismo grupo genético, el resto de las accesiones presentó uno o más individuos clasificados en distintos grupos genéticos, lo que confirma la existencia de mezclas identificadas mediante el análisis de MLG.



Figura 5. Representación gráfica de la asignación de las muestras de la colección de germoplasma de ajo a través de un modelo bayesiano (programa Structure).

Un detalle importante a notar luego de este análisis, es que el lugar de origen/recolección de las muestras no representa una variable de importancia, ya que en ninguno de los grupos se observó algún agrupamiento exclusivo de muestras de alguna nacionalidad o continente, dato que se condice con lo que había sido reportado anteriormente en estudios de Ipek *et al.* (2003), Paredes *et al.* (2008) o Zhao *et al.* (2010), los cuales utilizaron marcadores moleculares como AFLP, RAPD y SSR.

Además, se observó que existen muestras que a pesar de no corresponder a la misma accesión presentan una similitud a nivel genético muy grande, y que difieren con muestras de la misma accesión. Esto puede deberse a que en algún punto los bulbos de ajo se mezclaron unos con otros.

Al realizar un análisis de coordenadas principales de todas las muestras, se observa que las primeras dos coordenadas explicaron un 31,5% de la variabilidad genética, donde el primer eje explica un 18,0% y el segundo eje un 13,5%. Se pudo diferenciar 3 grandes grupos, donde el grupo central correspondió a las muestras de *A. ampeloprasum*, *A. vineale* y 2 muestras pertenecientes a *A. sativum*, lo cual indica que estas especies efectivamente son diferentes genéticamente a un gran porcentaje de muestras de *A. sativum*, lo cual se corroboró al revisar los resultados entregados en los dendrogramas. Además, hay que destacar que este resultado es distinto al entregado por Structure, ya que existen diversas muestras que pertenecen a grupos genéticos distintos pero que aquí se encuentran repartidos en los 3 grupos identificados (**Figura 6**).

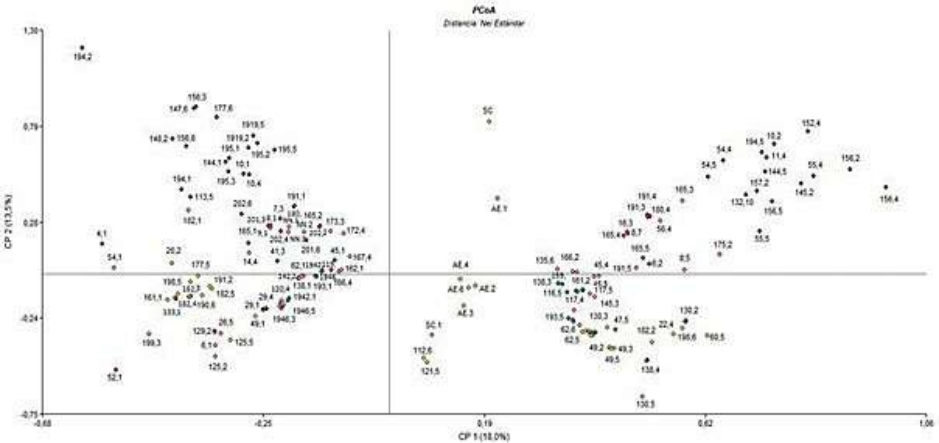


Figura 6. Representación gráfica del análisis de coordenadas principales de las primeras dos coordenadas de la colección de germoplasma de ajo. Cada punto representa un individuo.

En el análisis de varianza molecular, la mayor variación se produjo dentro de los grupos con un 84%, mientras que entre los grupos la variación solo fue de un 16%. Esto indica que la mayor varianza se produce por la variación entre individuos, lo cual se corresponde con los análisis anteriores, ya que dentro de los grupos existen muestras con un grado de 'admixture' considerable. Este resultado es muy similar al obtenido por Zhao (2010) el cual indica que, dentro de los 4 grupos identificados en su estudio, 84,4% de la varianza se encontraba dentro de los grupos, mientras que un 15,6% lo hacía entre de los grupos. El valor del estadístico F_{st} obtenido fue de 0,164, lo cual indica que existe una diferenciación moderada entre los grupos identificados. Este valor es muy cercano al entregado por Zhao *et al.* (2011) de 0,156.

7.4 Conclusiones

La diversidad de la colección de ajos conservada en la red de bancos de germoplasma de INIA es similar a la encontrada en otras colecciones de otros países, lo que otorga valor a la colección chilena. Hay más genotipos que accesiones y muchas accesiones son mezclas de genotipos. Esto plantea el desafío de genotipar planta a planta para poder contar con accesiones conformadas por individuos 100% clonales. Por otro lado, si bien en el país la producción de ajos se basa principalmente en el uso de semillas de ajo blanco importado desde China, los resultados muestran que la colección de INIA está conformada por una importante diversidad de genotipos con mayor potencial orgánoléptico, factibles de ser evaluados para su futuro registro y comercialización.

7.5 Bibliografía

- Barra, M., Salazar, E. R., Beltrán, M., & Sagredo, B. (2012). Simple and robust DNA extraction method for the large-scale analysis of genotypes containing high polyphenolic content, such as landraces of *Solanum tuberosum* and *Zea mays*. *Ciencia e Investigación Agraria: Revista Latinoamericana de Ciencias de la Agricultura*, 39(3), 593–601.
- Belaj, A., Trujillo, I., Ojeda, M. A., Barranco, D., & Rallo, L. (2005). Identificación y catalogación del Banco de Germoplasma Mundial de Olivo de Córdoba mediante marcadores morfológicos y moleculares Proyecto CAO98-001. En: V Congreso Ibérico de Ciências Horticolas (pp. 34–39). Portugal: Associação Portuguesa de Horticultura.
- Block, E. (2010). All Things Allium: Alliums in Literature, the Arts and Culture. En: *Garlic and Other Alliums: The Lore and The Science* (pp. 33–54). Cambridge, Reino Unido: Royal Society of Chemistry.

- da Cunha, C. P., Resende, F. V., Zucchi, M. I., & Pinheiro, J. B. (2014). SSR-based genetic diversity and structure of garlic accessions from Brazil. *Genetica*, 142(5), 419-431. <https://doi.org/10.1007/s10709-014-9786-1>.
- Escaff G., M. (1991). Variedades de ajo cultivadas en Chile. En Primer Curso Taller en tecnologías de producción, industrialización, comercialización y exportación de ajos en Chile (Serie La Platina N° 28 ed., pp. 55-74). Santiago, Chile: Instituto de Investigaciones Agropecuarias. Estación Experimental La Platina.
- Etoh, T., & Simon, P. W. (2002). Diversity, Fertility and Seed Production of Garlic. En H. Rabinowitch (Ed.), *Allium Crop Science* (pp. 101-117). Jerusalem, Israel: Hebrew University of Jerusalem.
- Giaconi M., V., & Escaff G., M. (2010). *Cultivo de Hortalizas*. Santiago, Chile: Editorial Universitaria.
- González, M. I. (2006). Akukeli una nueva variedad de ajo rosado. *Agricultura Técnica*, 66(2), 210-215.
- International Plant Genetic Resources Institute, International Plant Genetic Resources Institute, Rome, & Asian Vegetable Research and Development Center. (2001). *Descriptors for Allium (Allium spp.)*. Roma, Italia: International Plant Genetic Resources Institute.
- Ipek, M., Ipek, A., Almquist, S. G., & Simon, P. W. (2004). Demonstration of linkage and development of the first low-density genetic map of garlic, based on AFLP markers. *Theoretical and Applied Genetics*, 110(2), 228-236. <https://doi.org/10.1007/s00122-004-1815-5>.
- Kamenetsky, R., Khassanov, F., Rabinowitch, H. D., Auger, J., & Kik, C. (2007). Garlic Biodiversity and Genetic Resources. *Medicinal and Aromatic Plant Science and Biotechnology*, 1(1), 1-5.
- Kamenetsky, R., London Shafir, I., Khassanov, F., Kik, C., van Heusden, A. W., Vrieling-van Ginkel, M., & Burger-Meijer, K. (2005). Diversity in fertility potential and organo-sulphur compounds among garlics from Central Asia. *Biodiversity and Conservation*, 14(2), 281-295. <https://doi.org/10.1007/s10531-004-5050-9>.
- Kehr M., E. (2002). Descripción, requerimientos climáticos y ecofisiología de la especie. En: E. Kehr M. (Ed.), *Cultivo del ajo (Allium sativum L.) para la zona sur de Chile* (Boletín INIA-Instituto de Investigaciones Agropecuarias, N° 84, pp. 10-23). Temuco, Chile: Instituto de Investigaciones Agropecuarias. Centro Regional de Investigación Carillanca.
- Lallemand, J., Messian, C. M., Briand, F., & Etoh, T. (1997). Delimitation of varietal groups in garlic (*Allium sativum L.*) by morphological, physiological and biochemical characters. *Acta Horticulturae*, (433), 123-132. <https://doi.org/10.17660/actahortic.1997.433.10>.

- Lee, G.-A., Kwon, S.-J., Park, Y.-J., Lee, M.-C., Kim, H.-H., & Lee, J.-S. (2011). Cross-amplification of SSR markers developed from *Allium sativum* to other *Allium* species. *Scientia Horticulturae*, 128(4), 401-407. <https://doi.org/10.1016/j.scienta.2011.02.014>.
- Ma, K.-H., Kwag, J.-G., Zhao, W., Dixit, A., Lee, G.-A., & Kim, H.-H. (2009). Isolation and characteristics of eight novel polymorphic microsatellite loci from the genome of garlic (*Allium sativum* L.). *Scientia Horticulturae*, 122(3), 355-361. <https://doi.org/10.1016/j.scienta.2009.06.010>.
- Maaß, H. I., & Klaas, M. (1995). Intraspecific differentiation of garlic (*Allium sativum* L.) by isozyme and RAPD markers. *Theoretical and Applied Genetics*, 91(1), 89-97. <https://doi.org/10.1007/bf00220863>.
- Matus, I., Gonzalez, M., & Del Pozo, A. (1999). Evaluation of phenotypic variation in a Chilean collection of garlic (*Allium sativum* L.) clones using multivariate analysis. *Plant genetic resources newsletter*, 117, 31-36.
- Panthee, D. R., KC, R. B., Regmi, H. N., Subedi, P. P., Bhattarai, S., & Dhakal, J. (2006). Diversity Analysis of Garlic (*Allium sativum* L.) Germplasms Available in Nepal Based on Morphological Characters. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 53(1), 205-212. <https://doi.org/10.1007/s10722-004-6690-z>.
- Paredes C, M., Becerra V, V., & González A, M. I. (2008). Low Genetic Diversity Among Garlic (*Allium sativum* L.) Accessions Detected Using Random Amplified Polymorphic DNA (RAPD). *Chilean Journal of Agricultural Research*, 68(1), 3-12. <https://doi.org/10.4067/s0718-58392008000100001>.
- Ulanovsky, S., Gogorcena, Y., Martínez, F., & Ortiz, J. (2001). Utilización de marcadores moleculares para la detección de sinonimias y homonimias en variedades de vid de cultivo minoritario en La Rioja. *Geórgica: Revista del Espacio Rural*, 8, 25-42.
- Zhao, W. G., Chung, J. W., Lee, G. A., Ma, K. H., Kim, H. H., Kim, K. T., & Chung, I. M. (2010). Molecular genetic diversity and population structure of a selected core set in garlic and its relatives using novel SSR markers. *Plant Breeding*, 130(1), 46-54. <https://doi.org/10.1111/j.1439-0523.2010.01805.x>.