



FACULTAD DE CIENCIAS AGRARIAS

UNIVERSIDAD NACIONAL DE ROSARIO

TÍTULO DEL TRABAJO DE TESIS: CARACTERIZACIÓN DE
DISTINTOS GENOTIPOS DE PAPA (*Solanum tuberosum* subsp.
andigena) EN LA PROVINCIA DE CATAMARCA Y SU UTILIZACIÓN
EN EL MEJORAMIENTO

ING. AGRONOMA GRACIELA ELIZABETH CONTRERA

TESIS PARA OPTAR AL TÍTULO DE DOCTOR EN CIENCIAS
AGRARIAS

DIRECTOR: DRA LILIANA AMELIA PICARDI

CO- DIRECTOR: DR ENRIQUE L. COINTRY PEIX

AÑO: 2022

CARACTERIZACIÓN DE DISTINTOS GENOTIPOS DE PAPA (*Solanum tuberosum* subsp. *andigena*) EN LA PROVINCIA DE CATAMARCA Y SU UTILIZACIÓN EN EL MEJORAMIENTO

GRACIELA ELIZABETH CONTRERA

Ingeniera Agrónoma –Universidad Nacional de Catamarca.

Esta Tesis es presentada como parte de los requisitos para optar al grado académico de Doctor en Ciencias Agrarias, de la Universidad Nacional de Rosario y no ha sido previamente presentada para la obtención de otro título en esta u otra Universidad. La misma contiene los resultados obtenidos en investigaciones llevadas a cabo en la Facultad de Ciencias Agrarias-Universidad Nacional de Rosario, durante el período comprendido entre junio del 2016 y Octubre del 2022, bajo la dirección de la Dra. Liliana Picardi y la co-dirección del Dr. Enrique Cointry.



Nombre y firma del Doctorando
Ing. Ag. Graciela Elizabeth Contrera



Nombre y firma del Director
Dra. Liliana Picardi


Prof. Dr. Enrique Cointry
Catedrático de Botánica y Fisiología Vegetal
Instituto de Investigaciones en Botánica

Nombre y firma del co-Director
Dr. Enrique Cointry

Defendida:de 20__.

"A MI PADRE

A MI FAMILIA..."

AGRADECIMIENTOS

Después de tantos años, y al final de este recorrido, queda completar los agradecimientos.

En primer lugar, me gustaría agradecer a mis directores de tesis, Dra. Liliana Picardi y Dr. Enrique Cointry, por la oportunidad que me dieron de poder concluir esta tesis, el tiempo dedicado, la paciencia y la gran generosidad.

A la Universidad Nacional, Pública y Gratuita, que me ha permitido formarme en ella y poder seguir aprendiendo y hoy, además, poder trabajar en ella en la docencia. También me ha proporcionado la Beca Doctorar, motivo por el cual pude realizar este proceso de formación.

A la Facultad de Ciencias Agrarias, de la UNR, por recibirme con las puertas abiertas, demostrando una gran generosidad todos, docentes, no docentes y compañeros de estudios.

A la Facultad de Ciencias Agrarias de la Universidad Nacional de Catamarca, por ser mi casa desde siempre.

A cada maestro que tuve lo largo de mi profesión, principalmente a Martha Fernández y Mary Pulido.

A mis amigos que, sin ser agrónomos me acompañaron y ayudaron en los ensayos y trabajos de campo.

Agradezco especialmente a mi familia,

a mi padre, por estar siempre presente y saberlo orgullo de todos mis logros,

a mi hermano Daniel y mis sobrinos: Susana, Luciana, Gerónimo, María Mercedes y Joaquín, por el amor incondicional y el acompañamiento de siempre.

a mi tía Charo, que siempre me impulsó al estudio y a la docencia.

A mis primas, a mis amigas...

PUBLICACIONES

Contrera, G.; Perea, J.; Barrionuevo, A. & J. Vildoza. **1° Catálogo de papa andina (*Solanum tuberosum* ssp. *andigena*) de la provincia de Catamarca.** 4° Jornadas de Divulgación Científica y Técnica de la Facultad de Ciencias Agrarias, Facultad de Ciencias Agrarias. Universidad Nacional de Catamarca. (2021). ISBN: 978-987-661-397-2.

Contrera, G.; Perea, J.& A. Barrionuevo. **Caracterización morfoagronómica de 9 genotipos de papa andina (*Solanum tuberosum* ssp. *andigena*) de la provincia de Catamarca.** 4° Jornadas de Divulgación Científica y Técnica de la Facultad de Ciencias Agrarias, Facultad de Ciencias Agrarias. Universidad Nacional de Catamarca. (2021). ISBN: 978-987-661-397-2.

Pulido, M. S.; **Contrera, G.;** Perea, J.; Vildoza, J.; Barrionuevo, A. **Caracterización morfológica de cuatro variedades de papa andina (*Solanum tuberosum* ssp. *andigena*) en Catamarca".** 3° Jornadas de Divulgación Científica y Técnica de la Facultad de Ciencias Agrarias, Facultad de Ciencias Agrarias. Universidad Nacional de Catamarca. (2020). I SBN 978-987-661-367-5

Pulido, M.S.; **Contrera; G.;** Perea, J.; Vildoza, J.; Barrionuevo A.; Barros, L.; Borghesio, B.; Espeche. **Análisis de la Correlación entre Caracteres Componentes del Rendimiento de Cuatro Variedades de Papas Andinas (*Solanum tuberosum* ssp. *andigena*) de la provincia de Catamarca.** *Revista del CIZAS* 20 (1y 2): 18:30. (2019).

Contrera, G.; Pulido, M. S.; Perea, J.; Vildoza, J.; Barros, L.; Barrionuevo, A.; Sosa, F. **Análisis de Caracteres Componentes del Rendimiento en Cinco Variedades de Papa Andina (*Solanum tuberosum* ssp. *andigena*).** *Revista del CIZAS.* (1y 2): 16:27. (2018).

Pulido, M.S.; **Contrera G.E.;** Perea, J. Vildoza, J. **Caracterización a través de descriptores morfológicos de nueve variedades de papa andina de Catamarca, Argentina (*Solanum tuberosum* ssp. *andigena*).** *Biología en Agronomía.* Volumen 6, No. 1. ISSN 1853-5216. (2016).

Pulido, M.S.; **Contrera G.E.;** Perea, J. **Estudio de los componentes del rendimiento: tamaño de tubérculos y número de tubérculos por planta en cuatro**

variedades de papa andina (*Solanum tuberosum* ssp. *andigena*). Biología en Agronomía. Volumen 4, No. 1. ISSN 1853-5216. (2014).

Pulido, M.S.; **Contrera G.E.**; Perea, J. **Análisis de la correlación entre el número de ramificaciones y número de tubérculos por planta de cuatro variedades de papa andina (*Solanum tuberosum* ssp. *andigena*).** *Biología en Agronomía*. Volumen 3, No. 1. ISSN 1853-5216. (2013).

PRESENTACIONES A CONGRESOS

Contrera. G., Cointry, E.; Picardi, L. **Estudio sobre distintos genotipos de papa (*Solanum tuberosum* spp. *andigena*) en la provincia de Catamarca.** 46° Congreso Argentino de Genética. Catamarca, Argentina, octubre de 2017.

Contrera, G.E.; Atencio, H.M.; Cointry, E.; Picardi, L. **Variabilidad genética observada en genotipos de *Solanum tuberosum* ssp. *andigena* en la provincia de Catamarca.** L Congreso Argentino de Genética Y II Jornadas Regionales SAG-NEA. Corrientes, Argentina, octubre 2022.

OTRAS PRESENTACIONES

Contrera, G.; Perea, J.; Barrionuevo, A.; Vildoza, J. **1° catálogo de papa andina (*Solanum tuberosum* ssp. *andigena*) de la provincia de Catamarca,** 4° Jornadas de Divulgación Científica y Técnica de la Facultad de Ciencias Agrarias, UNCA. 3 y 4 de noviembre de 2021.

Contrera, G.; Perea, J.; Barrionuevo. **2° Caracterización morfoagronómica de 9 genotipos de papa andina (*Solanum tuberosum* ssp. *andigena*) de la provincia de Catamarca,** 4° Jornadas de Divulgación Científica y Técnica de la Facultad de Ciencias Agrarias, UNCA. 3 y 4 de noviembre de 2021.

Pulido, M. S.; **Contrera, G.;** Perea, J.; Vildoza, J.; Barrionuevo, A. **Caracterización morfológica de cuatro variedades de papa andina (*Solanum tuberosum* ssp. *aniígena*) en Catamarca".** 3° Jornadas de Divulgación Científica y Técnica de

la Facultad de Ciencias Agrarias, Facultad de Ciencias Agrarias. Universidad Nacional de Catamarca. 3 y 4 de noviembre de **2020**.

Pulido, M.S.; **Contrera; G.**; Perea, J.; Vildoza, J.; Barrionuevo A.; Barros, L.; Borghesio, B.; Espeche, L. **Análisis de la correlación entre caracteres componentes del rendimiento de cuatro variedades de papas andinas (*Solanum tuberosum* ssp. *andigena*).** 2° Jornadas de Divulgación Científica y Técnica de la Facultad de Ciencias Agrarias. Facultad de Ciencias Agrarias. Universidad Nacional de Catamarca. Noviembre de **2019**.

Contrera G., Pulido M.S., Perea J., Vildoza J., Barros L., Barrionuevo A. & Sosa F. **Análisis de caracteres componentes del rendimiento en cinco variedades de papa andina (*Solanum tuberosum* ssp. *andígena*).** 1° Jornadas de Divulgación Científica y Técnica de la Facultad de Ciencias Agrarias. Facultad de Ciencias Agrarias. Universidad Nacional de Catamarca. Noviembre de **2018**.

ÍNDICE

1 - ABREVIATURAS Y SÍMBOLOS	11
2 - RESUMEN.....	13
3- ABSTRACT	15
4- INTRODUCCIÓN	17
4.1 - Origen.....	17
4.2 - Evolución y dispersión de la papa cultivada	17
4.3 - Diversidad de especies de papa	18
4.4 - El origen de la papa andina cultivada.....	19
4.5 - Taxonomía.....	20
4.6 - Descripción Botánica	22
4.7 - Producción en Argentina.....	26
4.8 - Mejoramiento genético.....	28
4.9 - Variabilidad genética en mejoramiento convencional	29
4.10 - Métodos de mejoramiento	33
5. HIPOTESIS	38
6. OBJETIVOS.....	38
6.1 - Objetivo general	38
6.2 - Objetivos Específicos.....	38
CAPÍTULO 1 – MATERIAL GENETICO.....	39
1.1 - MATERIAL Y MÉTODOS	39
1.1.1 - RECOLECCIÓN del MATERIAL GENÉTICO	39
1.1.2 -VERIFICACIÓN DEL NIVEL DE PLOIDÍA	40
1.1.3 - ANÁLISIS DE LA VARIABILIDAD PRESENTE	41
1.1.3.1 - CARACTERIZACIÓN Y EVALUACIÓN DEL MATERIAL GENÉTICO MEDIANTE CARACTERES DE TIPO CUANTITATIVOS.....	42

1.1.3.2 - CARACTERIZACIÓN DEL MATERIAL GENÉTICO MEDIANTE MARCADORES MOLECULARES MICROSATÉLITES (SSR).....	46
1.2 – RESULTADOS	50
1.2.1 - RECOLECCIÓN DEL MATERIAL GENÉTICO.	50
1.2.2 - VERIFICACIÓN DEL NIVEL DE PLOIDÍA	51
1.2.3 - ANÁLISIS DE LA VARIABILIDAD PRESENTE	53
CAPÍTULO 2: INTERACCIÓN GENOTIPO AMBIENTE.....	82
2. 1 - MATERIALES Y MÉTODOS	82
2.1.1 - Determinación de la Estabilidad a través del método de la varianza de Shukla (según el programa GEA-R Cimmyt)	82
2.1.2 - Modelo de los Efectos Aditivos Principales e Interacciones Multiplicativas (Modelo AMMI)	83
2.2 - RESULTADOS.....	85
2.2.1 - Determinación de la Estabilidad a través del método de la varianza de estabilidad de Shulka.....	85
2.2.2 - AMMI: Efecto principal aditivo y análisis de interacción multiplicativa	88
CAPÍTULO 3 - SELECCIÓN DE PROGENITORES A HIBRIDAR.....	93
3.1 - MATERIAL Y MÉTODOS	93
3.1.1 - Estrategia 1	93
3.1.2 - Estrategia 2.....	93
3.1.3 - Estrategia 3.....	94
3.2 – RESULTADOS	94
3.2.1 - Estrategia 1	94

3.2.2 - Estrategia 2.....	95
3.2.3 - Estrategia 3.....	95
DISCUSIÓN.....	96
CONCLUSIONES.....	112
BIBLIOGRAFÍA	113

1 - ABREVIATURAS Y SÍMBOLOS

σ^2 : variancia.

σ_f^2 : variancia fenotípica.

σ_e^2 : variancia ambiental.

σ_g^2 : variancia genotípica.

σ_{ga}^2 : variancia genotipo año.

$\bar{X}$: Media general del ensayo.

°C: grados Celsius.

AC: antes de Cristo.

ANDEVA: Análisis de Variancia

ACP: Análisis de Componentes Principales.

ACoP: Análisis de Coordenadas Principales

DNA: Ácido desoxirribonucleico

AFLP:

AP: altura de planta en cm.

BC: *Backcross*

BT: Bandas totales

BP: Bandas polimórficas

CIP: Centro Internacional de la Papa

cm: centímetros.

CM: Cuadrados Medios.

CP: componente principal.

CV: Coeficiente de Variación.

CRISPR-Cas9: Repeticiones palindrómicas cortas agrupadas y regularmente interespaciadas (del inglés, Clustered Regularly Interspaced Short Palindromic Repeats)-asociadas a la proteína Cas9.

DBCA: Diseño en Bloque Completamente Aleatorizado.

E(CM): Esperanza de los cuadrados medios

F: estadístico de distribución de probabilidad de Snedecor.

F1: primera generación filial.

FAO: *Food and Agriculture Organization of the United Nations*.

F.V.: Fuente de variación

g: gramo.

GGE-biplot: biplot genotipo por ambiente.

GL: grados de libertad.

H²: heredabilidad en sentido amplio.

ha.: Hectárea

HCl 1N: Ácido clorhídrico 1 Normal

IGA: interacción genotipo por ambiente.

INTA: Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria.

L10: Logaritmo en base 10

LT: largo del tubérculo

Max: Máximo

Min: Mínimo

mg: miligramos

ml: mililitros

MM: marcadores moleculares.

msnm: metros sobre el nivel del mar

NR: Número de ramificaciones

NT: número de tubérculos por planta.

OL: Off Ladder, fuera de la escalera

pb: pares de base

PCR: *Polymerase Chain Reaction* o reacción en cadena de la polimerasa.

PIC: *Polymorphic information content*

PM: Peso molecular

R: Rendimiento en kg/parcela

r: repetición

RAPD: *Random amplified polymorphic DNA* (DNA polimórfico amplificado al azar).

SDS-PAGE: *Sodium Dodecyl Sulphate Polyacrilamide Gel Electrophoresis*

secc.: Sección

subsp: Subespecie

SSR: *Simple sequence repeat* (Microsatélites).

USA: Estados Unidos de América.

W: estadístico de la prueba de normalidad de Shapiro-Wilk.

2 - RESUMEN

La papa andina (*Solanum tuberosum* subsp. *andigena* Hawkes) es considerada el “verdadero oro inca”, y ha sido declarada “Tesoro de la Biodiversidad Andina”, es aquel germoplasma, tanto silvestre como cultivado que comprende diversas especies, principalmente *Solanum tuberosum* subsp. *andigena* que constituyen una fuente invaluable de genes para atributos deseables en la reproducción (Camadro, 2011). Su diversidad genética es útil para producir variedades de cultivos con tolerancia a la sequía, al calor y al frío, alta calidad nutricional y resistencia a plagas y enfermedades. La producción comercial de papa andina en Argentina es incipiente, y está concentrada principalmente en las provincias de Salta y Jujuy, y menos en Catamarca y otras provincias cercanas a la cordillera de los Andes (la Rioja, Mendoza, Río Negro). El mejoramiento genético de la papa andina, está orientado principalmente a formar cultivares de alto rendimiento comercial, que cumplan con los requerimientos del mercado y buena estabilidad. En este trabajo se abordan diferentes métodos para evaluar la variabilidad fenotípica, genética, y molecular, en nueve variedades de papa andina que se producen en la provincia de Catamarca (Cotagua rosada, Cotagua morada, Collareja, Bolinca alargada, Bolinca redonda, Ojos de princesa, Tuni, Morada y Malgacha). Estos cultivares fueron estudiados durante tres años en dos localidades diferentes: La Calera a 1.347 msnm y Las Piedras Blancas a 1.690 msnm, ambos en la provincia de Catamarca. También se evaluaron las Interacciones Genético - Ambientales de estos cultivares a través de los años en los diferentes ambientes. Se evaluaron aproximadamente 4.400 tubérculos, en los tres años de cultivo y los dos ambientes, siendo los caracteres estudiados: 1) Altura promedio de planta (AP, cm), que se evaluó a los 65 días después de la plantación desde la base del tallo principal hasta la yema terminal; 2) Peso promedio del tubérculo (PT, g); 3) Largo promedio del tubérculo (LT, mm) medido con calibre; 4) Número promedio de ramificaciones por planta (NR); 5) Número promedio de tubérculos por planta (NT); 6) Rendimiento estimado (R, kg/parcela). Se evaluó la variabilidad fenotípica mediante el Coeficientes de Variación (CV) que resultaron elevados ya que en general presentaron valores iguales o superiores al 20%. El cálculo de la Heredabilidad en sentido amplio (H^2) mostró valores altos para la mayoría de los caracteres, NR ($H^2=0,82$), AP ($H^2=0,78$), mientras que valores intermedios solo se encontraron para PT ($H^2=0,45$) y R ($H^2=0,40$). El estudio de las diferentes variables a través de los análisis

multivariados (Análisis Componentes Principales y de Conglomerados) manifestaron también gran variabilidad. Se establecieron cinco grupos de variedades similares. Mediante el uso de marcadores SSR se calcularon los valores de PICs que fluctuaron entre 0,18 - 0,37 y se logró establecer la presencia de 30 fragmentos totales con un porcentaje de bandas polimórficas del 86,67%. Las distancias genéticas demostraron que las variedades más alejadas fueron Tuni y Ojo de Princesa, y las más cercanas Morada y Cotagua Morada. Los resultados obtenidos del análisis de coordenadas principales y análisis de conglomerados, permitieron la conformación de cinco grupos, donde Morada y Cotagua morada que se encuentran a menor distancia y Ojos de Princesa a mayor distancia. Estos datos ponen en evidencia una amplia variabilidad genética entre estos materiales. Los métodos utilizados para la evaluación de las interacciones Genotipo*Ambiente, fueron dos, el primero, la determinación de la Estabilidad a través del método de la varianza de Shukla, donde se observó que ninguna de las variedades es estable para todos los caracteres; y en el segundo método, el Modelo AMMI, demostró que algunos ambientes son discriminantes para todas las variables analizadas. Los resultados obtenidos, permitieron la caracterización de las variedades de papa andina no solo por su potencial de rendimiento y su estabilidad, sino también por las características deseables en el mercado y las necesidades de la cocina gourmet. Esto permitió plantear tres estrategias de hibridación. Se concluye que sería favorable efectuar principalmente la hibridación entre Cotagua rosada y Bolinca redonda.

3- ABSTRACT

The Andean potato (*Solanum tuberosum* subsp. *andigena* Hawkes) is considered the “true Inca gold”, and has been declared “Treasure of Andean Biodiversity”, it is that germplasm, both wild and cultivated, that includes various species, mainly *Solanum tuberosum* subsp. *andigena* that constitute an invaluable source of genes for desirable attributes in reproduction (Camadro, 2011). Its genetic diversity is useful for producing crop varieties with tolerance to drought, heat and cold, high nutritional quality and resistance to pests and diseases. Commercial production of Andean potatoes in Argentina is incipient, and is concentrated mainly in the provinces of Salta and Jujuy, and less in Catamarca and other provinces near the Andes mountain range (La Rioja, Mendoza, Río Negro). The genetic improvement of the Andean potato is aimed at forming cultivars with high commercial yields that meet market requirements and good stability. The genotype*environment interaction (IGA) was studied. The objective is to evaluate the genetic variability of 9 Andean potato varieties from the province of Catamarca (Collareja, Bolinca alargada, Bolinca redonda, Bolinca rosada, Morada, Tuni, Cotagua morada, Malgacha and Ojos de princesa) and to study the stability of the best genotypes in the best environments (Las Piedras Blancas, 1690 masl and La Calera, 1370 masl) during 2016, 2017 and 2018). Approximately 4,400 tubers were evaluated, in the three years and the two environments. The traits studied being: 1) Average plant height (AP, cm), evaluated 65 days after planting from the base from the main stem to the terminal bud, 2) Average tuber weight (PT, g)-3) Average tuber length (LT, mm), measured with caliber 4) Average number of branches per plant (NR), 5) Number average tubers per plant (NT), 6) Estimated yield (R, kg/plot). The CV for the different variables and varieties were high, in general they presented values equal to or greater than 20% regardless of the locality. In the study of the performance components of multivariate analysis (PCA and conglomerates) the data showed great variability. Heritability was high for NR ($H^2 = 0.82$), AP ($H^2 = 0.78$), and medium for PT ($H^2 = 0.45$) and R ($H^2 = 0.4$). The study of the different variables through multivariate analysis (Principal Components Analysis and Cluster Analysis) also showed great variability. Five groups of similar varieties were established. Through the use of SSR markers, PIC values fluctuated between 0.18 - 0.37 and the presence of 30 total fragments was established with a percentage of polymorphic bands of 86.67%, in the genetic distances the most distant varieties were Tuni and Ojo de Princesa, and the closest Morada and Cotagua Morada.

Showing a wide genetic variability. In the Genotype*Environment Interactions, the Stability through Shukla, showed that none of the varieties is stable for all the characters and; the AMMI Model, that some environments are discriminant for all the variables analyzed. The characterization of the Andean potato varieties was obtained for their yield potential and stability, and also for the characteristics desirable in the market and the needs of the gourmet kitchen. This allowed us to propose three hybridization strategies. It is concluded that it would be favorable to carry out mainly the hybridization between Cotagua rosada and Bolinca redonda.

4- INTRODUCCIÓN

4.1 - Origen

La papa andina (*Solanum tuberosum* subsp. *andigena* Hawkes) considerada por algunos el “verdadero oro inca”, y declarada “Tesoro de la Biodiversidad Andina” por la Cámara de diputados de la Nación Argentina en 2012; es uno de los tantos cultivos originarios de América, que, junto con el tomate, zapallo, maíz, porotos y girasol entre otros, luego del 1.492 fueron llevados a Europa, y hoy forman parte de la producción agrícola mundial y de la alimentación humana.

Su aparición se remonta aproximadamente a los 8.000 a 10.000 años AC. Existen tres hipótesis acerca de su centro de origen. Bukasov (1971) señala dos centros de origen: uno primario, ubicado en el Macizo Andino Perú – Bolivia, donde se encuentra un significativo endemismo varietal y una gran concentración de formas y colores y otro secundario, ubicado en Chiloé (Sur de Chile). Hawkes (1990) por su parte ubica el centro de origen en la zona comprendida entre Cusco y el Lago Titicaca (Perú), debido a que en esos lugares se encuentra el mayor número de variedades y especies. La tercera hipótesis (Ochoa, 1999) sostiene la existencia de un centro primario en la zona entre Perú y Bolivia, debido a que posee el mayor número de variedades y de especies; y un centro secundario en México. Sin embargo, al analizar la genética tanto de las especies silvestres como de los cultivares nativos, en investigaciones realizadas con el DNA de 261 variedades silvestres y 98 variedades cultivadas de papa, se demuestra que la papa cultivada tuvo un origen único en una vasta región al norte del lago Titicaca, a partir de miembros del complejo norte de *S. brevicaule* (Spooner et al., 2005; Van den Berg y Jacobs, 2007).

La domesticación y selección del cultivo se inició en la cuenca del lago Titicaca a 3.800 msnm. Se presume que esta actividad la inició la mujer andina, hace más de 10.000 años, cuando los hombres se dedicaban a la caza y a la pesca, convirtiéndose este cultivo en la base de las civilizaciones y culturas andinas (Estrada, 2000).

4.2 - Evolución y dispersión de la papa cultivada

El complejo *brevicaule*, sería el ancestro silvestre de la papa cultivada. Este grupo, endémico en los Andes centrales del Perú, Bolivia y el norte de Argentina, presenta características tales como hojas disectadas pinnadas, frutos redondos, corolas rotadas-

pentagonal, interfértiles y crecen como malezas en complejos con las papas cultivadas (Ames et al, 2008). En cuanto a la compatibilidad polen-pistilo de *S. brevicaulle*, existe una similitud en los porcentajes de compatibilidad en los cruzamientos intra e interpoblaciones, pero hay un mayor número de semillas por fruto y un elevado porcentaje de semillas, en semillas llenas, sugiriendo la existencia de barreras pre y postcigóticas (Peña Cervera et al, 2020).

A partir de las especies silvestres *Solanum bukasovii*, *S. canasense* y *S. multissectum*, pertenecientes al complejo *S. brevicaulle*, se cree que se originó *S. stenotomum*, que es considerada la primera papa domesticada. Esta, a su vez, habría dado origen a subsp. *andigena* a través de repetidos procesos de poliploidización sexual en diferentes zonas de cultivo, con la consiguiente hibridación interespecífica e intervarietal que permitió ampliar la diversidad y adaptabilidad genética de la papa de los Andes.

Los cultivares chilenos se derivaron posteriormente por hibridación de poblaciones andinas cultivadas con la especie silvestre *S. tarijense*. En el siglo XVI el cultivo fue llevado a Europa y se dispersó por todo el mundo. Actualmente las papas cultivadas que se siembran en el mundo son conocidas colectivamente bajo el nombre de *S. tuberosum* subsp. *tuberosum* (Rodríguez, 2010a).

4.3 - Diversidad de especies de papa

Se clasifican artificialmente en 3 grupos: silvestres (muy diversas), cultivadas nativas (Andes y en el sur de Chile) y cultivadas modernas. La ploidía es un elemento para la clasificación taxonomica puede proporcionar información acerca de los diferentes germoplasmas, los cuales permiten estimar el número de citotipos para su clasificación, Ochoa (1990), clasificó los citotipos de *Solanum* como morfológicamente distintos, con lo que se puede realizar la clasificación taxonómica de las especies cultivadas, siendo *Solanum tuberosum* subsp. *tuberosum* y *Solanum tuberosum* subsp. *andigena* principalmente tetraploides ($2n= 4x = 48$) (Ames et al, 2008).

Solanum tuberosum, tiene alrededor de 190 especies silvestres emparentadas, formando un grupo filogenético bien definido, *Solanum secc. Petota*. Alrededor del 70% de estas especies silvestres son diploides ($2n=2x= 24$) siendo las especies restantes poliploides,

principalmente en los niveles tetraploide ($2n=4x=48$) o hexaploide ($2n=6x=72$). Estos poliploides son fuentes valiosas de genes para resistencia a enfermedades, tolerancia al estrés y mejora de la calidad de los tubérculos en papa. (Spooner y Salas, 2006).

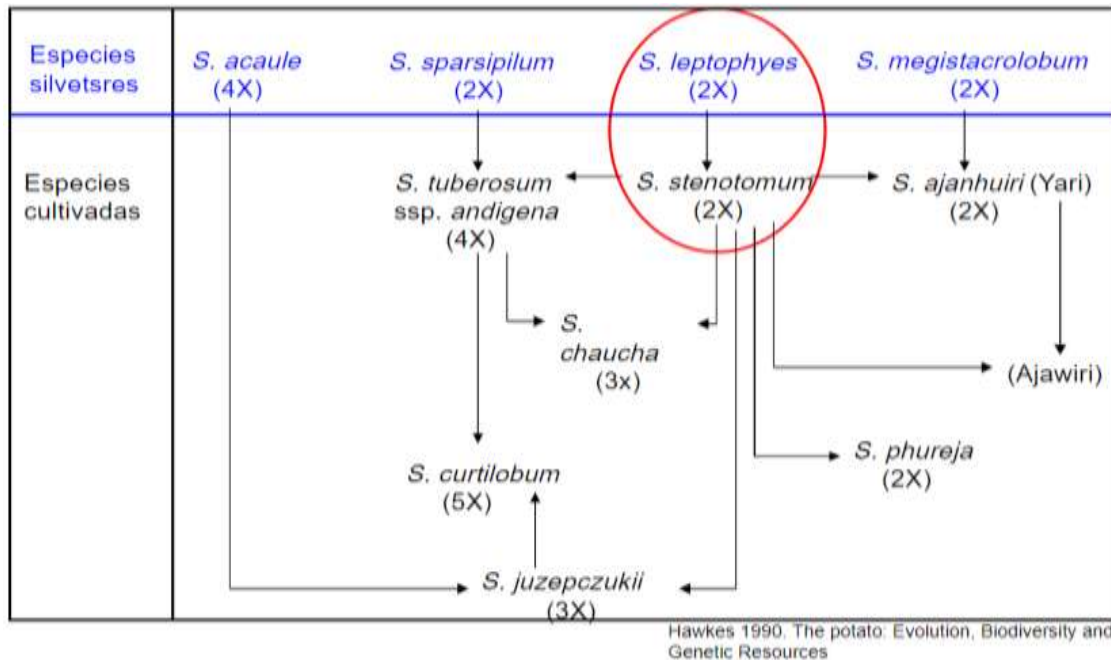
El tratado taxonómico más aceptado de las papas cultivas es:

Diploides, *Solanum ajanhuiri*, *S. phureja*, *S. stenotomun*, ($2n=2x=24$); triploides como *S. chaucha*, *S. juzepczukii*, ($2n=3x=36$); tetraploides representadas por *Solanum tuberosum subsp. tuberosum* y *Solanum tuberosum subsp. andigena* ($2n=4x=48$) y pentaploides como *S. curtilobum* (Ames et al, 2008).

La ploidía en combinación con las claves taxonómicas se puede utilizar para identificar las especies de papas cultivadas. Bukasov (1971), Lechnovich (1971), Huamán (1983), Hawkes, (1990) y Ochoa (1990) clasificaron las papas cultivadas en distintas especies teniendo en cuenta las normas del Código Internacional de Nomenclatura Botánica.

4.4 - El origen de la papa andina cultivada

Hawkes (1990) identificó a *S. leptophyes* (miembro del complejo *Brevicaule*) como el progenitor de *S. stenotomun*, especie designada como la más primitiva de las cultivadas.



Así, se ha propuesto que el origen de *S. tuberosum ssp. andigena* proviene de *S. stenotomum* por ciclos de poliploidización sexual y en múltiples lugares, con la subsiguiente hibridación interespecífica e intervarietal a través de cruces ($4x \times 4x$) o poliploidización a través de cruces ($2x \times 4x$ ó $4x \times 2x$) (Sukhotu y Hosaka, 2006).

4.5 - Taxonomía

Existe controversia sobre la taxonomía de las papas cultivadas, debido a que diferentes autores han reconocido desde una hasta 20 especies (Huamán y Spooner, 2002), pero todas forman un mismo *pool* genético (Spooner et al., 2005). Ha sido estudiada en base a observaciones morfológicas, complementado con métodos experimentales citológicos, serológicos, el uso de marcadores bioquímicos (isoenzimas), y en estos últimos 20 años, varios tipos de métodos moleculares basados en el DNA, derivando en la denominada “Taxonomía Molecular” (van den Berg; Jacobs, 2007).

Resultados morfológicos y moleculares recientes clasifican la papa en 190 especies repartidas en cuatro clados, que presentan algunas relaciones interespecíficas y gran variabilidad con la clasificación propuesta inicialmente en 1990 por Hawkes (Spooner et al., 2008). Spooner et al. (2007) por otro lado, reconocen únicamente 189 especies, a pesar de la descripción de diez nuevas especies efectuada por Hawkes (1990), y predicen que en un futuro se presentará una nueva reducción en el número de especies, en la medida que continúen los trabajos de investigación con marcadores moleculares (Rodríguez, 2010a).

Todavía hay diferentes propuestas utilizadas para clasificar las papas cultivadas y sus parientes silvestres (*Solanum* L. secc. *Petota* Dumort.), ya que históricamente se han presentado diferencias entre los taxónomos que han estudiado su clasificación. A la fecha no hay consenso, debido a que el límite entre especies no está definido, y la fertilización entre ellas es frecuente (Rodríguez, 2009).

Actualmente el estado taxonómico de las especies cultivadas de papa se encuentra definido bajo dos códigos de nomenclatura de plantas. La razón principal de ello es que el término “especie”, que se refiere a un producto del proceso evolutivo, no es adecuado para clasificar las plantas cultivadas, debido fundamentalmente a que la intervención e influencia humana distorsiona los patrones de variación en las mismas. El Código Internacional de Nomenclatura de Plantas Cultivadas (ICNCP su sigla en inglés), recomienda tratar el material cultivado como una entidad artificial (cultivo nativo o “landraces”, o cultivares) y clasificarlo en “grupo de cultivar” o “cultivar”, asociando las plantas cultivadas a características agronómicas. Así, Dodds (1962), Huamán y Spooner (2002) ubican a *Solanum tuberosum* ssp. *andigena* como un “grupo de cultivar” dentro de *Solanum tuberosum* L., es decir, como “Grupo Andigenum”. El Código Internacional

de Nomenclatura Botánica (ICBN su sigla en inglés) propone utilizar los términos “especies” y “subespecies” teniendo en cuenta las diferencias filogenéticas entre los grupos. Así el cultivo “papa” puede ser asignado a la “especie” *Solanum tuberosum* pero el nombre de la especie debe considerarse como un cultigen, especie que consiste sólo de plantas cultivadas y sin representantes silvestres, sin un área de distribución geográfica natural y sin una estructura de población natural.

Las teorías más usadas son las de Hawkes (1990) y la de Spooner (2007), los investigadores utilizan cualquiera de las dos denominaciones según su línea de estudio. En este trabajo se sigue la denominación de Hawkes (1990), con la siguiente clasificación taxonómica para la papa andina cultivada:

Orden: *Solanales*

Familia: *Solanaceae*

Subfamilia: *Solanoideae*

Tribu: *Solaneae*

Género *Solanum*

Subgénero: *Potatoe*

Sección: *Petota*

Especie: *S. tuberosum*

Subespecie: *andigena*

La subsp. *andigena* en general presenta las siguientes características:

- Periodo vegetativo de cinco a siete meses. Floración abundante y por varios meses. Polen muy fértil. Abundante producción de bayas.
- Período largo de reposo del tubérculo.
- Buena calidad para el consumo (peso específico alto).
- Buena calidad para almacenamiento.
- Alto porcentaje de almidón.
- Tubérculo de forma irregular.
- Ojos ligeramente profundos.

- Numerosos tubérculos, pero de tamaño mediano a pequeño.

Por su parte la *subsp. tuberosum* presenta:

- Periodo vegetativo de corto de tres a cuatro meses. Floración escasa y por corto tiempo. Polen estéril en muchas variedades. Escasa o ninguna producción de bayas.
- Período corto de reposo del tubérculo.
- Baja calidad para almacenamiento.
- Bajo porcentaje de almidón.
- Tubérculo de forma regular.
- Ojos superficiales.
- Tubérculos de tamaño grandes.

Descripción de *Solanum tuberosum* subsp. *andigena*

Algunas variedades de papa andina cultivada de la provincia de Catamarca fueron caracterizadas a través de los descriptores morfológicos siguiendo la “Guía para las Caracterizaciones Morfológicas en Papa” (Gómez, 2000). Las variables determinadas fueron cuatro: Color de piel del tubérculo, forma del tubérculo, color de pulpa del tubérculo, color del brote.

Pulido et al., (2016) caracterizaron variedades cultivadas en Catamarca y demostraron que hay una importante variabilidad fenotípica para color de piel del tubérculo, color de pulpa y forma del tubérculo.

4.6 - Descripción Botánica

La primera descripción botánica, ha sido tomada del Boletín de “Botánica y morfología de la papa” del INIA-Instituto de Investigaciones Agropecuarias, No. 193, Inostroza, F. et. al., (2009), donde la clasificación se realizó tomando las características de las especies silvestres y cultivadas, y considerando que, dentro de cada una de ellas que se encuentran marcadas diferencias morfológicas, las cuales son afectadas por los factores ambientales como: temperatura, duración del día, humedad, fertilidad del suelo, en las áreas en que éstas se encuentran:

*** Hábito de crecimiento**

La papa es una planta herbácea, su hábito de crecimiento varía entre las especies y dentro de cada especie especies (cultivadas nativas y cultivadas modernas).

* Raíces

Las plantas de papa pueden desarrollarse a partir de una semilla o de un tubérculo. Cuando crecen a partir de una semilla, forman una delicada raíz axonomorfa con ramificaciones laterales. Cuando crecen de tubérculos, primero forman raíces adventicias en la base de cada brote y luego encima de los nudos en la parte subterránea de cada tallo. Ocasionalmente se forman raíces también en los estolones.

* Tallos

El sistema consta de tallos, estolones y tubérculos. Las plantas provenientes de semilla verdadera tienen solo un tallo principal, mientras que las provenientes de tubérculos-semilla pueden producir varios tallos. Los tallos laterales son ramas de los tallos principales. A menudo, en los márgenes angulares se forman alas o costillas. Las alas pueden ser rectas, onduladas o dentadas. El tallo generalmente es de color verde y algunas veces puede ser de color marrón-rojizo o morado. Las yemas que se forman en el tallo a la altura de las axilas de las hojas pueden desarrollarse para llegar a formar tallos laterales, estolones, inflorescencias y, a veces, tubérculos aéreos.

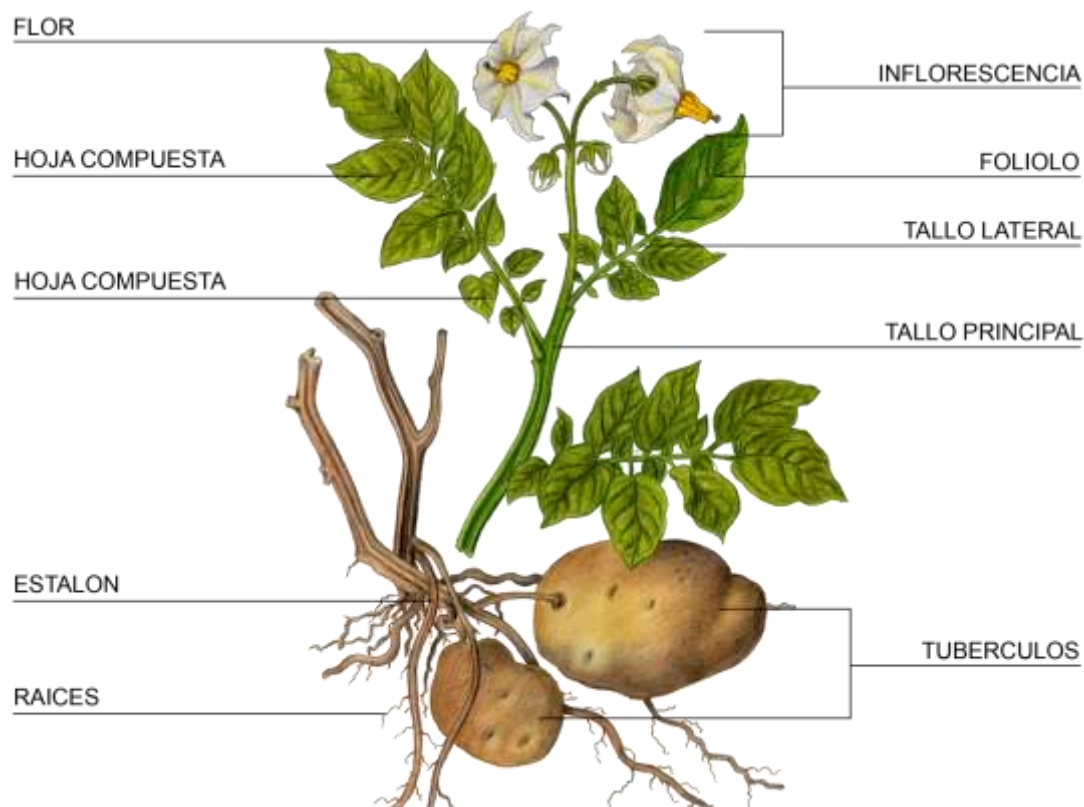


Figura 1: Morfología de la planta de papa

* Estolones

Son tallos laterales que crecen horizontalmente por debajo del suelo a partir de yemas de la parte subterránea de los tallos. Los largos son comunes en las papas silvestres, y se pueden formar tubérculos mediante un agrandamiento de su extremo terminal. Sin embargo, no todos los estolones llegan a formar tubérculos. Un estolón no cubierto con suelo, puede desarrollarse en un tallo vertical con follaje normal.

* Tubérculos

Son tallos modificados y constituyen los principales órganos de almacenamiento de la planta de papa. Tiene dos extremos: el basal, o extremo ligado al estolón, que se llama talón, y el extremo expuesto, que se llama extremo apical o distal. Los ojos se distribuyen sobre la superficie del tubérculo siguiendo una espiral, se concentran hacia el extremo apical y están ubicados en las axilas de hojas escamosas llamadas “cejas”. Dependiendo de la variedad, las cejas pueden ser elevadas, superficiales o profundas. Cada ojo contiene varias yemas. Los ojos del tubérculo de papa corresponden a los nudos de los tallos; las cejas representan las hojas, y las yemas del ojo representan las yemas axilares. Las yemas de los ojos pueden llegar a desarrollarse para formar un nuevo sistema de tallos principales, tallos laterales y estolones. Generalmente, cuando el tubérculo ha madurado, las yemas de los ojos están en un estado de reposo y, por ello, no pueden desarrollarse. Al cabo de cierto tiempo, dependiendo de la variedad, las yemas del ojo apical son las primeras en salir del reposo, manifestándose una dominancia apical. Luego, las yemas de los otros ojos se desarrollan para convertirse en brotes.

En la mayoría de las variedades comerciales la forma del tubérculo varía entre redonda, ovalada y oblonga. Además, algunos cultivares andinos producen tubérculos irregulares de diversas formas. La piel es generalmente suave y en algunas variedades es tosca o áspera y sale fácilmente al frotarla, cuando el tubérculo no ha madurado, presenta diferentes colores según la variedad. La carne del tubérculo puede presentar otros colores, pudiendo ser de color blanco, crema o amarillo pálido, rojo, morado, violeta o bicolor.

* Hojas

Están distribuidas en espiral sobre el tallo. Normalmente, las hojas son compuestas, es decir, tienen un raquis central y varios folíolos. Cada raquis puede llevar varios pares de folíolos laterales primarios y un folíolo terminal.

* Inflorescencia, flor

El pedúnculo de la inflorescencia está dividido generalmente en dos ramas, cada una de las cuales se subdivide en otras dos ramas. De esta manera se forma una inflorescencia llamada cimosa. De las ramas de las inflorescencias salen los pedicelos, en cuyas puntas superiores se encuentran los cálices. Cada pedicelo tiene una coyuntura o articulación en la cual se desprenden del tallo las flores o los frutos. Esta articulación es pigmentada en algunas variedades cultivadas.



Figura 2: Esquema de la flor de papa

Las flores de la papa son bisexuales, y poseen las cuatro partes esenciales de una flor: cáliz, corola, estambres y pistilo.

* Fruto, semilla

Al ser fertilizado, el ovario se desarrolla para convertirse en un fruto llamado baya, que contiene numerosas semillas. El fruto generalmente es esférico, pero en algunas variedades son ovoides o cónicos. Normalmente, el fruto es de color verde, y en algunas variedades cultivadas tienen puntos blancos o pigmentados, o franjas o áreas pigmentadas. El número de semillas por fruto llega a más de 200 según la fertilidad de cada cultivar. Las semillas son planas, ovaladas y pequeñas (1.000 - 1.500 semillas/gramo). Las semillas son también conocidas como semilla verdadera o botánicas, para distinguirlas de los tubérculos-semillas, usados para la producción.

La segunda clasificación para la descripción botánica es la utilizada a través de las guías de descriptores morfológicos para la caracterización de la papa, establecidos por Gómez (2000), Huamán (2008) y Quishpe (2017), constituyen un referente descriptivo e informativo, especialmente útil cuando se quiere profundizar en el estudio morfológico

de materiales nativos de papa. Donde la caracterización morfológica se realiza siguiendo una secuencia:

*** Floración:**

Habito de crecimiento de la planta- forma de la hoja- color del tallo- forma de las alas tallo- grado de floración- forma de la corola- color de la flor- pigmentación en anteras- pigmentación en el pistilo-color del cáliz- color del pedicelo.

*** Fructificación:**

Color de baya- forma de la baya – madurez

*** Tubérculos a la cosecha:**

Color de piel del tubérculo-forma del tubérculo- color de carne de tubérculo

*** Brotación:**

Color del brote

Con esto, se han determinado cuáles de esos descriptores son los caracteres más consistentes y que más aportan en las caracterizaciones morfológicas. Es un resumen actualizado de descriptores morfológicos básicos, acompañado por dos tablas de colores, generado para caracterizar las pigmentaciones en flores y tubérculos del cultivo de la papa, y así anular las discrepancias de apreciaciones de colores entre las personas que describen y los usuarios, y finalmente ser acompañado por un cuadernillo de gráficos con formas de algunas partes de las plantas de papa y esquemas de distribuciones secundarias de colores para flores y tubérculos (Gómez, 2000).

4.7 - Producción en Argentina

La producción de la papa andina se concentra principalmente en las provincias de Jujuy y Salta y está organizada en la Cooperativa Agropecuaria Unión Quebrada y Valles (C.A.U.Que.Va.), fundada en 1996, es una organización autogestionaria, integrada por pequeños productores, en su mayoría indígenas de la cultura Kolla, de la Quebrada de Humahuaca, de los Departamentos de Tumbaya, Tilcara y Humahuaca en la Provincia de Jujuy y el Departamento de Iruya en la Provincia de Salta. Su objetivo es elevar el nivel de vida de los pequeños campesinos productores, socios de la Cooperativa, a partir de la producción y comercialización de sus productos ancestrales.

A través del programa integrado de cultivos andinos, la cooperativa ha revivido, con éxito, cultivos ancestrales orgánicos, tales como el maíz y diferentes tipos de papa andina, cuya producción era muy reducida y estaba destinada básicamente al autoconsumo. Con la creación de esta Cooperativa se ha logrado incrementar la productividad y, sobre todo, dar a conocer estos productos y posicionarlos en mercados *gourmet* con excelentes niveles de precios. Hoy incluso se exportan en presentaciones precocidas que aseguran el cumplimiento de las condiciones sanitarias de prácticamente todos los países. (<https://cauqueva.org.ar/>).

La producción comercial de papa andina en Argentina es incipiente. Se enfoca principalmente en las provincias de Salta y Jujuy, su producción se dedica al autoconsumo y al abastecimiento de los mercados locales y nacionales, aunque cada vez está cobrando más importancia el destino al mercado externo que se ve más como una posibilidad futura, debido a que la producción actualmente no es suficiente, pero que se está produciendo cada vez más (Muchut, 2017). Los datos censales del 2008, muestran que, en toda la Quebrada de Jujuy, hay unas 121,8 hectáreas dedicadas al cultivo de papa, de las cuales un poco más de la mitad (57,6 ha.) se cultivan en Humahuaca, 51,8 ha. en Tilcara y 12,5 ha. en Tumbaya. En la campaña siguiente, 2009-2010 se sembraron aproximadamente 180 hectáreas, con una producción total de alrededor de 1.000 toneladas (Delpino, 2014).

La papa andina, se está convirtiendo en un producto valioso y favorito a partir de los platos *gourmet*, por lo que está ganando cada vez más mercado a nivel internacional. Por ello, es importante el relevamiento de las zonas productoras de todo el país para contar con datos estadísticos, dado que es una oportunidad para ganar mercado.

En Salta y Jujuy, se logra obtener un producto 100% orgánico, con volúmenes mínimos, según entrevista realizada a pequeños productores por Muchut (2017), los valores promedios obtenidos de la superficie sembrada serían de 1 a 1,5 ha, y la cosecha de 100 kg/ha, esta producción se lleva a cabo en tierras ubicadas a más de 3.000 msnm., lo que provoca que el producto que se obtenga esté libre de plagas sin el uso de agroquímicos industriales, convirtiéndolo en un producto de excelente calidad. Pero esto no sucede en todos los casos, debido a que no siempre se produce a alturas superiores a los 2.000 msnm (Muchut, 2017). La cosecha que se realiza en forma artesanal con una posterior selección para la comercialización.

Cabe destacar que sería importante contar con información más actualizada de la papa andina cultivada en las diferentes provincias productoras de Argentina, ya que, en el último censo agropecuario 2018 (CNA-18), relevó datos sobre las características de las explotaciones agropecuarias, y en los resultados definitivos se considera a la papa dentro de las hortalizas, sin ser discriminada como papa andina.

En Argentina existe un Programa especial de tubérculos andinos, a cargo del Senasa (Servicio de Sanidad y Calidad Agroalimentaria), que trabaja activamente realizando estudios integrales de los cultivos de tubérculos andinos, incluye la inscripción en el Registro Nacional Sanitario de Productores Agropecuarios (RENSPA), la promoción de buenas prácticas agrícolas a través de parcelas demostrativas con un manejo integrado de plagas y un marco normativo.

Las variedades más conocidas, sembradas en la provincia de Salta son: Tuní, Negra Ojosa, Colorada, Oca, Azul, Moradita y Runa. En Jujuy, las variedades que se producen en su mayoría son: Collajera Negra, Collajera Roja, Chacarera y papa Amajana. Hay zonas donde se logra obtener entre 10 y 12 toneladas de papa andina por hectárea.

En Salta y Jujuy se logra producir más de 50 variedades de papas andinas, y las mismas ocupan más de 1.500 hectáreas (Informe Eco Papa Andina, 2013). Su producción, en su gran mayoría se desarrolla de forma ancestral (Muchut, 2017).

En Catamarca se encuentran los cultivares: Bolinca, Bolinca Redonda, Collareja, Collareja Redonda, Colorada, Malgacha, Moradita, Tuní blanca, Tuní morada, Tuní rosada. (Clausen et al, 2010). Estudios más recientes de Pulido, et al (2016) detallan los cultivares: Collareja, Bolinca, Cotagua rosada, Cotagua morada, Morada cinchada, Morada, Bolinca redonda, Tuní y Malgacha, entre otros.

4.8 - Mejoramiento genético

Los primeros pasos del mejoramiento en Europa se produjeron con la introducción de clones de *Solanum demissum*, resistente al tizón tardío y con mayores rendimientos para ser utilizado en retrocruzamientos con *S. phureja* (Toxopeus, 1952). Los clones de *S. phureja* se emplearon también en cruzamientos con *S. chacoense*, con resistencia a insectos y a algunos virus. Estos híbridos se cruzaron luego con *S. tuberosum*. En el Instituto Max Planck de Alemania se seleccionó un buen número de clones y algunos cultivares con resistencia al tizón tardío y virus. Cerca de 83% de los cultivares alemanes tienen genes de *S. demissum* y 26% de otras especies silvestres (Ross, 1986). También en el Reino Unido (Cambridge) y en Escocia, se emplearon colecciones de *S. demissum*

(Black, 1945) en cruzamientos con *S. phureja* y *S. microdontum* x *S. phureja* para obtener resistencia a virus. Otros cruzamientos fueron en la Universidad de Cornell, EEUU, donde se usó *S. demissum* con *S. tuberosum*, y los híbridos de *S. demissum* x *S. maglia* y *S. demissum* x *S. fendleri* que fueron cruzados con *S. tuberosum* (Hougas y Ross, 1958). Los proyectos de mejoramiento crecieron en gran magnitud en países como Alemania, Canadá, EEUU., Holanda, Polonia, Reino Unido, Rusia, donde institutos, universidades, y fitomejoradores privados producen millones de plantas híbridas que son probadas antes diferentes factores adversos, plagas y enfermedades, que da lugar a muchas variedades, pero sólo 20 ó 30 se cultivan (Estrada Ramos, N., 2000).

Cerca de 1950, se comenzó en América Latina un programa de mejoramiento con base en la selección de clones introducidos de los países europeos, de América del norte y de la India para probarlos con el tizón tardío en México. También por esta misma época, Hawkes y Estrada, iniciaron un programa de mejoramiento empleando cruzamientos entre clones de *S. tuberosum* y cultivares de *S. andigena* que se prolongó hasta 1970. El resultado fue muy bueno, por el excelente vigor híbrido o heterosis que dio origen a clones y cultivares que aumentan la producción en 50% o más, y dando plantas más precoces que los cultivares de *andigena*, con tubérculos más uniformes y de mayor tamaño. En Argentina los ingenieros Induni, Pasquale, Calderoni, y Mendiburu hicieron varias selecciones de clones de *S. tuberosum* como el cultivar Huikul, y después los cultivares Serrana, Achiran y otros que se han difundido en Asia, especialmente China.

En los programas convencionales de mejoramiento existen dos procesos claves:

- Generación y/u obtención de variabilidad genética.
- El método o esquema de selección aplicado sobre las poblaciones segregantes.

4.9 - Variabilidad genética en mejoramiento convencional

Las estrategias de mejoramiento generalmente implican la hibridación entre cultivares, o entre cultivares y variedades locales o formas primitivas (McPhee, 2003; Redden et al., 2005; Goulet et al., 2017) debido a que la generación de la variabilidad genética es un prerequisite esencial de los programas de mejora (Tiwari et al., 2012) ya que, si ésta es escasa, se limitarán los avances del mismo. Su estimación proporcionará la base para un programa de selección efectivo.

Mantener y comprender la variabilidad genética presente dentro de una especie cultivada, puede generar información valiosa para los programas de mejoramiento y es importante para la protección de variedades vegetales. Por otra parte, el conocimiento de dicha variabilidad maximiza el uso del germoplasma en los programas de mejoramiento al permitir una más fácil selección de potenciales progenitores de cruas.

El éxito del mejoramiento reside, en gran medida en el conocimiento y el uso correcto del germoplasma disponible identificando las variedades a usar como progenitores de manera tal que, al ser cruzados, generen una progenie F_1 con un elevado efecto heterótico y/o favorezcan la aparición de variantes transgresivas que puedan ser seleccionadas y posteriormente clonadas para su evaluación como potencial de un nuevo cultivar. Este tipo de segregaciones son sumamente importante en el mejoramiento ya que está conectado con la posibilidad de obtención de variedades superiores. La selección adecuada de los progenitores es así un proceso clave y puede determinarse utilizando diferentes estrategias.

Una forma de cuantificar la variabilidad generada, es mediante el uso de los rangos de variación fenotípica que dependen de la complejidad genética de los caracteres evaluados (Huang y Han, 2014). Cuanto mayor sea la proporción de la variación hereditaria, mayor será la posibilidad de fijar el carácter mediante métodos adecuados de selección (Sharma et al., 2003). Como la mayoría de los caracteres de importancia económica son de herencia cuantitativa, la estimación de la heredabilidad de dichos caracteres nos otorga una medida de la variabilidad presente en las poblaciones. Este parámetro actúa como herramienta predictiva para expresar la confiabilidad de los rasgos fenotípicos y, por lo tanto, una alta heredabilidad podría ayudar en la selección efectiva de caracteres particulares y diseñar futuros programas de reproducción (Mallu et al., 2014).

La variabilidad genética puede ser también evaluada usando marcadores genéticos (Bahrman et al., 1999; Smykal et al., 2008) que últimamente se han constituido en instrumentos muy colaborativos para los programas de mejora. Un marcador genético es una diferencia (polimorfismo) heredable de forma mendeliana simple, cuya variabilidad puede ser detectada y estudiada. Son de gran utilidad en análisis de diversidad genética, estudios sistemáticos y evolutivos, identificación de genotipos, etc.

Existen tres categorías de marcadores genéticos: 1) morfológicos (también llamados clásicos o visibles) los cuales son en sí mismos características fenotípicas; 2)

bioquímicos, los cuales incluyen a las isoenzimas y proteínas de reserva; y 3) marcadores de DNA (o moleculares), que son sitios de variación del DNA (Winter y Kahl, 1995; Jones et al., 1997).

1) Marcadores Morfológicos

Los marcadores morfológicos son características fenotípicas de fácil identificación visual, tales como forma, tamaño, color del tubérculo, color de la flor entre otros. Es una metodología de bajo costo y sencilla; la cual ha sido ampliamente utilizada. Clausen et al. (2005) citan 43 variedades coleccionadas en Jujuy. Estas variedades se diferencian entre sí por el porte de la planta, el color de las flores y principalmente por las características de los tubérculos con formas, color de la carne y piel diferentes, así como por las características de los ojos y su distribución (Atencio, 2019).

Las listas de descriptores de la papa cultivada se han mejorado continuamente y están diseñadas para comparar la variabilidad morfológica dentro y entre poblaciones de cultivares de papa (Soukup, 1939; Huamán et al., 1977; Gómez, 1994, 2000). Los descriptores todavía se utilizan comúnmente como una herramienta económica y accesible para la caracterización del germoplasma.

La caracterización morfológica es más sensible al error humano y potencialmente resulta en índices artificiales de diversidad más altos en comparación con la caracterización molecular cuando se estudian grandes poblaciones de cultivares. Sin embargo, un valor agregado comparativo del uso de descriptores morfológicos se relaciona con su relativa accesibilidad y aplicación económica por parte de grupos de investigadores o cultivos conservacionistas sin acceso a tecnologías moleculares (de Haan, 2009).

2) Marcadores Bioquímicos

Los principales marcadores bioquímicos son los enzimáticos, basados en el hecho de que dos variantes de una misma enzima (isoenzimas) pueden presentar diferencias de carga y por lo tanto pueden ser separadas por electroforesis en geles de almidón. El contenido de proteínas de reserva del endosperma también puede ser empleado como marcador bioquímico, y se evalúa a través de la técnica SDS-PAGE (Sodium Dodecyl Sulphate Polyacrilamide Gel Electrophoresis). Las principales desventajas de los marcadores bioquímicos, están determinadas por su cantidad limitada y por la influencia tanto por parte del ambiente como de la fase de desarrollo de la planta (Winter y Kahl, 1995).

Quirós et al. (1990) estudiaron la variabilidad genética utilizando nueve sistemas enzimáticos para variedades de papas en diez campos de agricultores en los Andes entre 3.600 y 3.850 msnm., de los cuales 67% pertenecía a la especie *S. tuberosum* ssp *andigena*, 14% a los triploides, *S. chaucha*, 13% a diploides de *S. phureja* y *S. stenotomum*. Wolski et al (2009) utilizaron marcadores bioquímicos involucrados en la resistencia horizontal a *Phytophthora infestans*. Mahgoub et al. (2015) analizaron mediante marcadores bioquímicos, anatómicos y moleculares. la variabilidad de diferentes variedades de papa en Egipto. Por su parte, Sulli et al. (2017) realizaron la caracterización bioquímica y molecular de una colección de papa analizando el contenido de carotenoides.

3) Marcadores moleculares

El continuo avance de la biología molecular permitió la generación de distintos marcadores moleculares. Un marcador molecular se basa en la presencia de variaciones de la secuencia del DNA. Entre sus características, se menciona, 1) no están influenciados por el ambiente, 2) presentan un alto nivel de polimorfismo y no tienen efectos pleiotrópicos ni epistáticos, 3) muestran, en algunos casos, una expresión de tipo codominante, 4) comprenden cualquier parte del genoma, sea codificante o no codificante (intrones o regiones regulatorias), 5) pueden ser utilizados en estadios tempranos del desarrollo, 6) la mayor parte de los polimorfismos moleculares son neutros, por lo tanto una variación alélica en un locus marcador generalmente no tiene efectos a nivel fenotípico (Collard et al., 2005) y 7) requieren una mayor inversión de equipamiento, como así también su costo es mayor a los demás marcadores.

El análisis de las huellas genéticas o “fingerprinting” del DNA, constituye un importante instrumento para la caracterización del germoplasma en la medida que pueda determinarse la diversidad genética presente en ciertos cultivares, razas locales y especies silvestres relacionadas; permite agrupar y cuantificar los niveles de diversidad genética dentro y entre entradas en un banco de germoplasma y de este modo facilitar la representación y eficiencia de manejo en colecciones *ex situ* (van Hintum; van Treuren, 2002; Atencio, 2010).

Una de las principales ventajas de los marcadores moleculares es que son ambientalmente neutros, con la ventaja de ser altamente polimórficos o variables dentro y entre especies, de herencia mendeliana no epistática (sin interacción entre genes), codominantes, de

rápida identificación y simple análisis y de posible detección en los estadios tempranos del desarrollo de la planta (Picca et al., 2004); se convierten en un medio de mapeo más robusto e imparcial en comparación a los descriptores morfológicos. Las repeticiones de secuencia simple (SSR; microsatélites) se han identificados y aplicados en el CIP (Centro Internacional de la Papa) por su alto contenido de información genética, alto reproducibilidad y simplicidad de uso (Ghislain et al., 2004). Una comparación entre los descriptores morfológicos y marcadores moleculares, cuando se aplican a grandes colecciones de cultivares nativos, tienen el potencial para revelar posibles complementariedades o contrastes entre ambos sistemas de caracterización (de Haan, 2009). Cadima et al (2013) utilizando marcadores microsatélites analizaron la variabilidad genética de landraces de papa de Bolivia. Por su parte, Tenorio-Bautista et al. (2019) realizaron un análisis de la diversidad de papa mediante SSR en los distritos de Secclla y Santo Tomas de Pata (Huancavelica) y Santillana (Ayacucho) de Perú. Del Rio y Bamberg (2021) utilizaron marcadores AFLP para analizar una *Core Subset* de *Solanum tuberosum* L. subsp. *andigenum*).

En la actualidad, el uso de los marcadores morfológicos, se complementa cada vez más con los marcadores moleculares (Huamán y Spooner, 2002; Celebi-Toprak et al., 2005).

En el caso específico de las papas nativas de América, una metodología diferente del estudio de la diversidad específica fue realizada utilizando el software DIVA-GIS que permitió la creación del Atlas de Papas Silvestres (Hijmans, et al., 2005), donde se muestra la distribución geográfica de la riqueza genética de las papas nativas en América, desde el suroeste de los Estados Unidos hasta el centro de Argentina y Chile.

4.10 - Métodos de mejoramiento

Los métodos de mejoramiento genético más usados en este cultivo son: Hibridación, Selección individual y Retrocruzas o *Backcrosses*.

El objetivo de la hibridación es combinar en una sola variedad los caracteres deseables o ventajosos de dos o más líneas, variedades o especies. En ciertas ocasiones, la recombinación de los factores genéticos conduce a la producción de nuevos caracteres ventajosos, que no se encuentran en ninguno de los padres (Hayes, 1955). En papas con

un número par de cromosomas (2x, 4x, 6x) es posible producir semilla sexual (botánica) que proporciona la generación de nuevos genotipos. Una vez que se ha creado la variación en forma de semilla sexual, cualquier plántula tiene el potencial de convertirse en una nueva variedad a través de la propagación clonal. A pesar de que la mayoría de las papas producen una gran cantidad de semillas botánicas por fruto (aproximadamente 200), así como muchos frutos por planta, la propagación clonal da como resultado un bajo coeficiente de propagación (cinco a diez veces por generación) y facilita la reproducción intencional y no intencional (Bonierbale et al, 2020).

Cuando se desea efectuar el cruzamiento entre especies silvestres (diploides) y variedades cultivadas (tetraploides) debe recurrirse a igualar los niveles de ploidía de las variedades cultivadas con las silvestres, es decir, reducirlas a nivel diploide (Alonso, 1996). Para ello se recurre a la hibridación de la variedad tetraploide (utilizada como progenitor femenino) con *Solanum phureja* que induce a la producción de individuos haploides (Alonso, 1996). Una vez lograda la hibridación a nivel diploide y obtenido un individuo interesante, hace falta que vuelva a su estado tetraploide que, al parecer es el estado al que la papa se encuentra mejor adaptada, ya que entre otras cosas le proporciona mayor vigor y productividad. El empleo de especies silvestres para aumentar la base genética, ha llevado a la creación de colecciones de especies y variedades llamadas “bancos de genes o bancos de germoplasma” (Alonso, 1996).

Por todo esto, la hibridación de la papa es importante, debido a que se obtiene mucha variabilidad en la primera generación filial, debido a la gran segregación que se genera al ser materiales altamente heterocigóticos, lo que permite efectuar un proceso selectivo eficaz. La hibridación es el método inicial de un mejoramiento a largo plazo (Santana, 1999).

La selección individual es uno de los procedimientos de mejoramiento más antiguo y constituye la base de todo mejoramiento de plantas. La selección sólo actúa sobre diferencias heredables. La selección no crea variabilidad, sino que actúa sobre la ya existente. En papa, la selección individual, primero se realiza en plantas provenientes de semilla verdadera, obtenida de los cruzamientos, y en base a caracteres de elevada heredabilidad. Posteriormente se aplica sobre los clones producidos a partir de las plantas seleccionadas. Es decir, que la primera selección individual que se hace, es una selección individual de plantas provenientes de semilla verdadera, las siguientes selecciones individuales son clonales (Márquez, 1988).

El *Backcross* o Retrocruza se utiliza cuando se pretende incorporar a una variedad ya establecida una característica deseable que, obviamente, carece de ella. Lo más común es incorporar características de resistencia a factores adversos de la producción como son las enfermedades y plagas que son caracteres normalmente regidos por monogenes.

Las especies silvestres contienen muchos rasgos útiles, genes/alelos no presentes en los cultivares modernos como resistencia a estreses bióticos y abióticos y características nutricionales, pero hay un considerable costo al pretender aumentar la variación genética, ya que estas especies silvestres de papa contienen innumerables alelos que no son deseables para la producción tales como ojos profundos, tamaño de tubérculo pequeño y madurez tardía, un requisito para días cortos, o alto contenido de glicoalcaloides.

Cuando una papa cultivada se cruza con una especie silvestre, a menudo la descendencia no presenta buenas características. Al obtener un genotipo, de primera generación (F_1) o por una o dos *backcrosses* (BC_1 , BC_2 , etc.) el tipo de tubérculo se encuentra fijado y se puede multiplicar con todos sus caracteres genéticos deseables, sin que sufran ninguna modificación o, si así se desea, como una nueva variedad, ya que se pueden propagar por un simple mecanismo de mitosis. Sin embargo, se necesitan muchas generaciones más de cruzamientos para eliminar los alelos indeseables, manteniendo los deseados, y este proceso puede llevar décadas. Para subsanar esto, se pueden usar marcadores moleculares para acelerar el proceso, seleccionando el genoma del donante (y para el gen de interés) después de cada ciclo de cruza, pero el proceso seguirá siendo mucho más lento que agregar un gen a un cultivo de papa por transformación mediada por *Agrobacterium*, o editando en un cultivo existente un alelo, a un alelo de especie silvestres deseado con CRISPR-Cas9 (<https://www.yourgenome.org/facts/what-is-crispr-cas9>) (Bonierbale, et al, 2020). A pesar de estas ventajas se debe tener en cuenta que la legislación de la Provincia de Catamarca impide la utilización de papas transgénicas (Resolución N° 12 de Secretaría de Políticas Agrícolas y Ganaderas de Catamarca con fecha 31 de agosto 2021).

También es importante en un programa de mejoramiento, sobre todo cuando se van a utilizar materiales silvestres, considerar las correlaciones existentes entre los caracteres ya que, dependiendo de la magnitud y del signo, la misma impactará en el progreso del programa e influirá en la selección de los progenitores a hibridar (Bonierbale et al, 2020).

El mejoramiento genético de la papa andina como de la papa en general, está orientado principalmente a formar cultivares de alto rendimiento comercial y buena estabilidad, aún

en presencia de factores bióticos y abióticos adversos, lo que permitirá satisfacer las demandas de los agricultores, del mercado para consumo fresco y de la agroindustria. La buena calidad del tubérculo está influenciada por factores genéticos, ambientales, de manejo agronómico y por las interrelaciones entre éstos (Vásquez, 1988; Milton & Allen, 1995). Es por esto, que una actividad importante en el fitomejoramiento es probar la respuesta de una gama de genotipos en una diversidad de ambientes con el objetivo de seleccionar genotipos superiores.

La interacción genotipo por ambiente (IGA) ocurre, para un carácter en particular como el rendimiento, cuando éste difiere en valores cuando se cultivan en diferentes ambientes (Zobel y Talbert, 1984). En un sentido práctico, si esto sucede, el mejorador no puede recomendar un genotipo en particular porque puede haber producido un rendimiento sobresaliente en algunos sitios y se desempeñó mal cuando se cultivó en otros sitios. Así, la presencia de IGA implica que el comportamiento de los genotipos en un ensayo depende del entorno particular en el que se cultivan. Amplias variaciones en las condiciones climáticas y tipos de suelo también significan que no hay dos entornos de cultivo similares; por lo tanto, la selección del genotipo es crucial para evitar malas cosechas que los agricultores de subsistencia no pueden permitirse.

La presencia de interacción genotipo por ambiente podría influir en la selección de los mejores genotipos tanto para su cultivo como para su elección como progenitores a hibridar a fin de lograr nuevas variedades comerciales. Los estreses bióticos y abióticos son frecuentes y generalizados en los Andes. Las limitaciones que enfrentan los agricultores de estas zonas, exigen ir más allá del análisis de las diferencias de rendimiento en los ensayos de cultivares realizados en condiciones no limitantes (Hijmans, 2003, Hijmans et al., 2003), si no que se necesita una definición más clara de las diferencias de rendimiento bajo condiciones naturales de crecimiento. El ambiente interviene en la variación del rendimiento en términos de crecimiento y desarrollo del cultivo, ya que involucra el efecto de factores externos en todos los procesos fisiológicos de la planta, la interrelación entre diferentes procesos y su dependencia de la constitución genética de la misma. La tasa de crecimiento de un cultivo bien provisto de agua y nutrientes y libre de plagas y enfermedades es estrechamente proporcional a la luz absorbida y a la tasa de asimilación neta (Spitters, 1988). El rendimiento de los tubérculos, a su vez, está determinado por la tasa neta de asimilación, la fracción de asimilados netos repartidos entre los tubérculos y la duración del crecimiento de los tubérculos (Ingram y

McCloud, 1984). El rendimiento y calidad de la papa son particularmente afectados en el momento de la tuberización y dependiente de varios factores ambientales, incluyendo la temperatura, el fotoperíodo, la salinidad la latitud y la altitud (Caldiz, et. al, 1997; Gururani et al., 2013; Hancock et al., 2014; Lehretz et al., 2019; Morris et al., 2019; Córdoba-Figueroa et al, 2021; Park et al, 2022. Según Erwing (1995) cuando las papas andinas se cultivan bajo las temperaturas más elevadas de zonas de menor altura las variedades tuberizan débilmente o nada. Los agricultores andinos responden principalmente plantando combinaciones de varias especies y variedades en sus campos. Según Terrazas et al., (1998), Terrazas y Valdivia, (1998) y Terrazas et al. (2007) la producción de papa en muchas áreas de los Andes se basa en especies y variedades nativas que a menudo son mezclas. Esto implica que cuando se efectúan recolecciones deben identificarse correctamente las variedades.

5. HIPÓTESIS

“Materiales genéticos de *Solanum tuberosum* subsp. *andigena*, de las variedades Bolinca alargada, Bolinca redonda, Collareja, Cotagua morada, Cotagua rosada, Malgacha, Morada, Ojos de princesa y Tuni de la Provincia de Catamarca, tienen variabilidad genética que puede ser utilizada para un programa de mejora genética en el que se busque aumentar la productividad y la calidad del cultivo”.

6. OBJETIVOS

6.1 - Objetivo general

Caracterizar variedades de papa andina (*Solanum tuberosum* subsp. *andigena*) de las variedades Bolinca alargada, Bolinca redonda, Collareja, Cotagua morada, Cotagua rosada, Malgacha, Morada, Ojos de princesa y Tuni de la provincia de Catamarca, y evaluar la variabilidad presente en caracteres de interés productivo para obtener mediante la hibridación nuevos materiales genéticos que satisfagan las necesidades del mercado.

6.2 - Objetivos Específicos

- Recolectar materiales de *Solanum tuberosum* subsp. *andígena* de las variedades Bolinca alargada, Bolinca redonda, Collareja, Cotagua morada, Cotagua rosada, Malgacha, Morada, Ojos de princesa y Tuni, que se siembran en las zonas productoras de la Provincia de Catamarca.
- Verificar el nivel de ploidía, a través del conteo del número cromosómico y por Citometría de Flujo, de las distintas variedades de papa andina.
- Caracterizar las variedades de papa andina a través del análisis de caracteres cuantitativos y de marcadores moleculares.
- Evaluar la productividad de las variedades de papa andina para distintos caracteres, en distintos ambientes.
- Determinar la presencia de interacción genotipo ambiente para los diferentes caracteres.
- Seleccionar progenitores a hibridar para generar nueva variabilidad seleccionable.

CAPÍTULO 1 – MATERIAL GENÉTICO DE PAPA ANDINA

1.1 - MATERIAL Y MÉTODOS

1.1.1 - RECOLECCIÓN DEL MATERIAL GENÉTICO DE PAPA ANDINA

El Ambiente de recolección fue en cuatro localidades del norte del departamento Belén, provincia de Catamarca, Argentina: Laguna Blanca, Las Cuevas, Nacimiento de San Antonio y Rodeo Gervan, en campos que fueron cultivados por los agricultores de la zona, por más de 50 años y son parte de su patrimonio ancestral. Se estudiaron los genotipos de nueve variedades de papa andina clasificadas por Pulido et al. (2016) (Tabla 1).

VARIEDAD	LUGAR DE ORIGEN
BOLINCA ALARGADA	Laguna Blanca- Depto Belén
BOLINCA REDONDA	Laguna Blanca- Depto Belén
COLLAREJA	La Cuevas- Depto Belén
COTAGUA MORADA	Nacimiento de San Antonio- Depto Belén
COTAGUA ROSADA	Nacimiento de San Antonio- Depto Belén
MALGACHA	Laguna Blanca - Depto Belén
MORADA	Rodeo Gervan - Depto Belén
OJOS DE PRINCESA	Las Cuevas - Depto Belén
TUNI	Laguna Blanca - Depto Belén

Tabla 1: Variedades de papa andina y sus correspondientes lugares de recolección del departamento Belén de la provincia de Catamarca

Esta clasificación se realizó siguiendo la “Guía para las Caracterizaciones Morfológicas en Papa” (Gómez, 2000), mediante la utilización de descriptores básicos o marcadores morfológicos utilizando una lista de descriptores morfológicos de la papa. Teniendo en cuenta: color de piel del tubérculo, forma del tubérculo y color de pulpa del tubérculo.

Color de piel del tubérculo: blanco-crema, amarillo, anaranjado, marrón, rosado, rojo, rojo-morado, morado, negruzco.

Forma del tubérculo: comprimido, redondo, ovalado, obovado, elíptico, oblongo, oblongo-alargado, alargado.

Color de pulpa del tubérculo: blanco, crema, amarillo claro, amarillo, amarillo intenso, rojo, morado, violeta.

La metodología de colección fue a través de visitas a un grupo de productores de Belén, y se tomaron muestras representativas de algunas zonas productoras.

Estas variedades, (provenientes de cuatro localidades del Departamento Belén), que serían los ambientes de recolección, son las que se utilizaron para la implementación en los ambientes de ensayos en otras dos localidades (La Calera y Las Piedras Blancas).

1.1.2 -VERIFICACIÓN DEL NIVEL DE PLOIDÍA

Con el fin de verificar el nivel de ploidía de las variedades, se estableció el mismo a partir del conteo cromosómico en preparados citológicos y por citometría de flujo.

1.1.2.1 - Determinación del Número cromosómico por conteo cromosómico

El estudio se realizó con raíces jóvenes (1/2 cm) o con ápices en condiciones adecuadas (de color blanco), las raíces cortadas tuvieron un pretratamiento con colchicina 0,05% y fueron fijadas en alcohol, y se conservaron en etanol 70%. Luego se procedió a su lavado con agua, y se colocaron en tubos con HCl 1N para efectuar la hidrólisis. Una vez hidrolizadas se colocaron en fucsina durante 1 hora a temperatura ambiente y en oscuridad. En la técnica Squash, para ápices, se puso una gota de ácido acético 45% sobre el portaobjeto, se colocó el ápice en la gota se ejerció presión para separar las células y se observó en microscopio.

1.1.2.2 - Determinación del Número de ploidía mediante Citometría de flujo

El empleo del Citómetro de Flujo es una alternativa rápida y permite estudios poblacionales más amplios y detallados respecto a la variación existente de varias ploidías (Galbraith et al., 1983; De Laat et al., 1987). Para esto, se enviaron muestras de tallos con hojas y tubérculos de las distintas variedades estudiadas, al IBONE (Instituto de Botánica del Nordeste) Corrientes. La intensidad de los núcleos teñidos con DAPI se analizó con

un Citómetro de flujo Partec PA II (Partec, Münster, Alemania). El nivel de ploidía de cada individuo se determinó utilizando muestras de tejido foliar fresco siguiendo las recomendaciones del manual del kit Partec P CySatin UV Precise P 05-5002. Se utilizaron la variedad 4 y 9 como patrones (de tubérculos y hojas).

1.1.3 - ANÁLISIS DE LA VARIABILIDAD PRESENTE

1.1.3.1 - Caracterización y evaluación del material genético mediante caracteres de tipo cuantitativos.

Las variedades fueron plantadas durante tres años (2016, 2017 y 2018) en dos localidades diferentes: Las Piedras Blancas, en el departamento Ambato y La Calera, en el departamento Capital, pertenecientes a la provincia de Catamarca. Ambas tienen diferentes alturas sobre el nivel del mar y microclimas característicos.



Figura 3: Provincia de Catamarca, con ambiente de recolección (Belén) y ambientes de ensayo (Las Piedras Blancas y La Calera)

Las Piedras Blancas (Departamento Ambato)

Ubicada a 65 km al norte de la ciudad de San Fernando del Valle de Catamarca (SFVC), sobre la Ruta Provincial N°4 (27°55'17.2 S 65°56'51.2). La altitud es 1.690 msnm (Figura 4). La localidad está inmersa en un marco paisajístico de sierras húmedas (de yungas), un ámbito orográfico compuesto por las sierras de Humaya al este y de Ambato al oeste, donde se destacan las plantaciones de nogal y la cría de ganado vacuno y equino. Este paisaje cuenta con las formaciones vegetales propias de la ecorregión yungueña: prados montanos y sectores boscosos con presencia de pino de cerro y sauco. El clima es subtropical serrano (húmedo) con estación seca en invierno y estación lluviosa en verano y parte del otoño. (<https://geografiacatamarca.blogspot.com>)

A continuación, se presentan los datos de precipitaciones (mm) y de la Temperatura media del suelo medida a los 10 cm durante los tres años de evaluación (Figura 4).

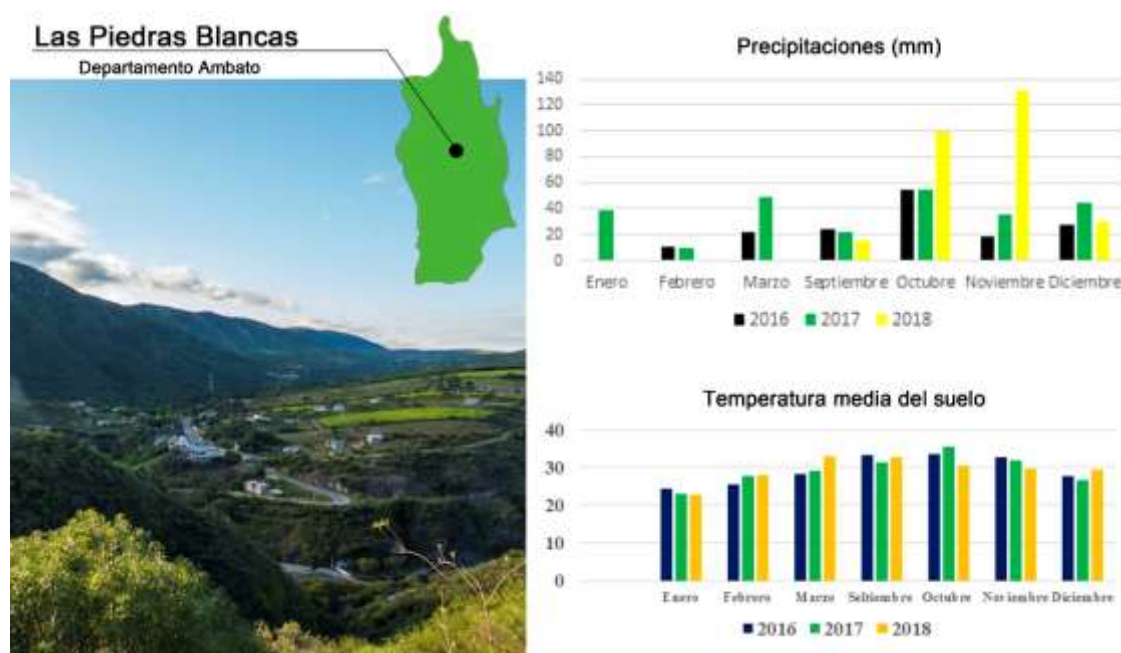


Figura 4: Precipitaciones y Temperatura del Suelo en Las Piedras Blancas

La Calera (departamento capital)

Ubicada sobre la Ruta Provincial N°4, distante a 21 km de la ciudad de San Fernando del Valle de Catamarca, (28° 20' 29.50" S 65° 53' 10.35" O). La altitud del lugar es de 1.347 msnm. Los suelos del lugar se caracterizan por ser de una textura franco arenoso. Precipitaciones y Temperatura media del suelo medidas a los 10 cm en los tres años del ensayo en La Calera (Figura 5).

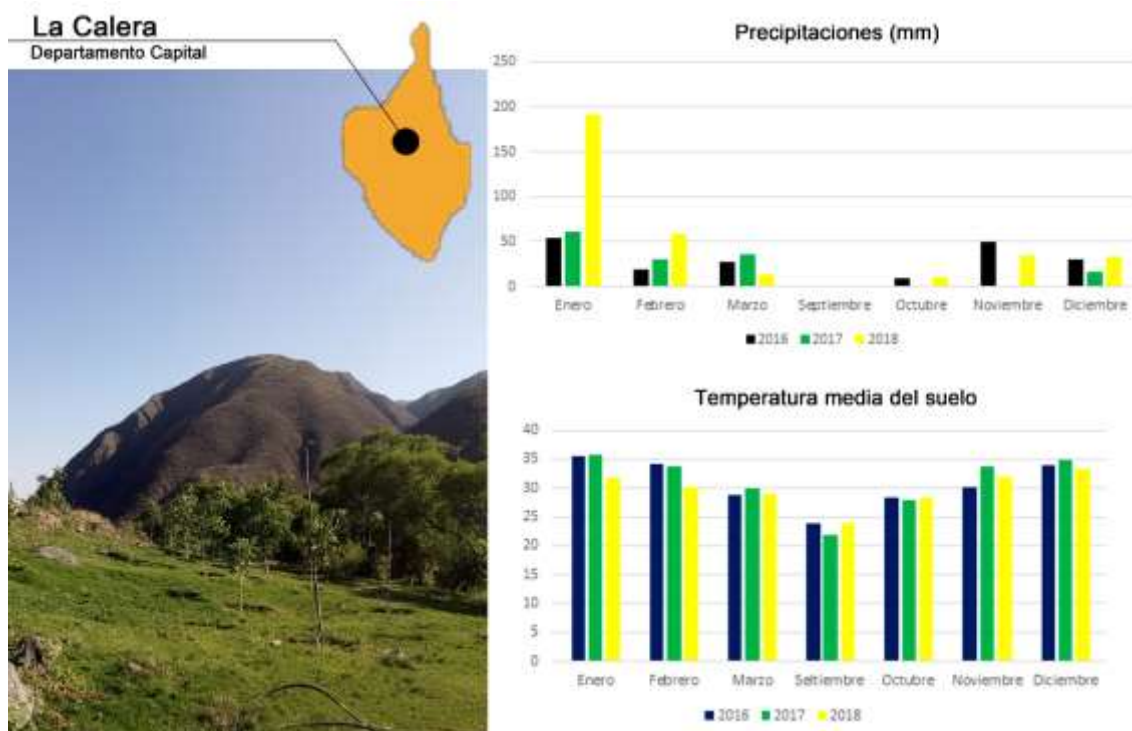


Figura 5: Precipitaciones y Temperatura del Suelo en La Calera

En ambas localidades se comenzó la plantación a mediados de octubre. La misma se realizó por golpes, siendo la profundidad de siembra de 7 – 8 cm, con una distancia entre plantas de 30 cm. Se utilizaron parcelas de 6 m² cada una (3 metros de largo por 2 metros de ancho), con un marco de plantación de 0,50 m entre surcos y 0,30 m entre plantas, por lo que cada unidad parcelaria contó con 50 plantas (5 surcos con 10 plantas cada uno). En base al rendimiento por parcela se estima un rendimiento en tn/ha calculado de acuerdo con un marco de plantación de 83.333 plantas/ha (Figura 6).

La cosecha se realizó desde mediados de marzo, principio de abril, en la culminación del ciclo de las plantas cuando la cantidad y calidad de los tubérculos está nutricional y comercialmente definida. La misma se realiza después de que la planta haya completado su período vegetativo y haya madurado, lo que se observa por el follaje seco de las mismas, que sería un indicador de la madurez de los tubérculos.



Figura 6: Unidad parcelaria antes de la plantación y con plantas en desarrollo

Las malezas se eliminaron de forma manual con la ayuda de azada y escardillo. El riego por gravedad (por surco) con una frecuencia semanal. No se utilizaron fertilizantes ni plaguicidas, salvo ocasionalmente para el control de hormigas. El diseño experimental fue bloques completos aleatorizados, con 3 repeticiones.

La diversidad morfológica se analizó utilizando descriptores de tipo cuantitativos.

Se evaluaron aproximadamente 4.400 tubérculos, en los tres años de cultivo.

- AT: Altura promedio de planta (cm), que se evaluó a los 65 días después de la plantación desde la base del tallo principal hasta la yema terminal.
- PT: Peso promedio del tubérculo (g).
- LT: Largo promedio del tubérculo (mm), medido con calibre.
- NR: Número promedio de ramificaciones por planta.
- NT: Número promedio de tubérculos por planta. Se evaluó contando los tubérculos después de la cosecha.
- R: Rendimiento estimado kg

Análisis estadísticos

Con los datos obtenidos se determinó, además de los valores promedios, el coeficiente de variación (CV) y los valores máximos y mínimos para cada carácter fenotípico como medida de la variabilidad presente.

Los valores promedios, de las diferentes variables, fueron analizados mediante un análisis de variancia a dos criterios de clasificación utilizando el software Infostat (Di Renzo, J.

et al. 2020) previa determinación de la normalidad de las variables mediante la prueba de Shapiro-Wilk (1965) y posterior prueba de Tukey para la comparación de los valores promedios. Se estimaron los componentes de variancia entre (σ^2_e) y dentro (σ^2_g) en función de la fórmula propuesta por Falconer y Mackay (1996) y a partir de los mismos se calcularon los valores de la heredabilidad. Las FV, los GL y la E(CM) del ANDEVA se muestran en la Tabla 2.

F.V.	GL	E(CM)
Genotipos	(a-1)	$\sigma_e^2 + r\sigma^2\alpha\beta\tau + br\sigma^2_{\alpha\tau} + cr\sigma^2\alpha\beta + bcr\sigma^2\alpha$
Localidad	(b-1)	$\sigma_e^2 + r\sigma^2\alpha\beta\tau + ar\sigma^2_{\beta\tau} + cr\sigma^2\alpha\beta + acr\sigma^2\beta$
Año	(c-1)	$\sigma_e^2 + r\sigma^2\alpha\beta\tau + ar\sigma^2_{\beta\tau} + br\sigma^2_{\alpha\tau} + abr\sigma^2\tau$
Genotipos* Localidad	(a-1) - (b-1)	$\sigma_e^2 + r\sigma^2\alpha\beta\tau + \chi\rho\sigma^2_{\alpha\beta}$
Genotipos*Año	(a-1)- (c-1)	$\sigma_e^2 + r\sigma^2\alpha\beta\tau + \beta r\sigma^2_{\alpha\tau}$
Localidad *Año	(b-1)- (c-1)	$\sigma_e^2 + r\sigma^2\alpha\beta\tau + ar\sigma^2_{\beta\tau}$
Genotipos* Localidad *Año	(a-1)- (b-1)- (c-1)	$\sigma_e^2 + r\sigma^2\alpha\beta\tau$
Error		σ^2_e

Tabla 2: Tabla modelo de análisis de variancia

$$M1 = \sigma_e^2 + r\sigma^2\alpha\beta\tau + br\sigma^2_{\alpha\tau} + cr\sigma^2\alpha\beta + bcr\sigma^2\alpha$$

$$M2 = \sigma_e^2 + r\sigma^2\alpha\beta\tau + \chi\rho\sigma^2_{\alpha\beta}$$

$$M3 = \sigma_e^2$$

$$\sigma^2_{ga} = (M2 - M3) / r$$

$$\sigma^2_g = (M1 - M2) / r.b$$

$$\sigma^2_f = \sigma_e^2 + \sigma^2_{ga} + \sigma^2_g$$

$$H^2 = \sigma^2_g / \sigma^2_f$$

Se calcularon también los coeficientes de correlación fenotípicos entre los distintos caracteres (Montgomery et al., 2003) por localidad de evaluación y considerando ambas localidades en conjunto.

Se realizó un Análisis de Componentes Principales (ACP) para estudiar la interdependencia de las variables métricas y encontrar una representación gráfica óptima de la estructura de variación entre las variedades presentes en este ensayo.

Se retuvieron las componentes principales con un autovalor igual o superior a 1 según el criterio sugerido por Guttman (1954) y adaptado por Kaiser (1961) conocido como criterio de Guttman-Kaiser y se realizaron gráficos de las variables en función de las dos primeras Componentes Principales.

A partir de los valores promedios de las diferentes variables se calcularon las distancias Euclídeas y se construyó una matriz de distancia y se efectuó un análisis de agrupamiento utilizando el método del ligamiento promedio construyéndose posteriormente un dendrograma.

1.1.3.2 - Caracterización del material genético mediante marcadores moleculares microsatélites(SSR)

Se genotiparon las variedades de papa andina a través de marcadores moleculares. Estos análisis se realizaron en el INTA Balcarce mediante electroforesis capilar, en geles de agarosa (1%). Se evaluó un genotipo de cada una de las 9 variedades.

Se plantaron los tubérculos en tierra en invernáculo, para obtener en estado de plántula las muestras y extraer DNA más rápidamente (Figura 7). Se recolectaron aproximadamente 100 mg de tejido vegetal, en tubos de 1.5 ml, para extraer DNA y se almacenaron a -20°C. Se realizaron las amplificaciones, utilizando 6 microsatélites y los 6 amplificaron en todos los genotipos. La extracción de ADN se realizó a partir de hijas jóvenes empleando el kit comercial Purelink Genomic Plant DNA (ThermoFisher). En este trabajo se seleccionaron y usaron 6 SSRS que corresponden a un kit de 24 SSRs usados en plantas nativas de papa (Ghislain et al., 2009) (Tabla 3).

Tres marcadores microsatélites (SSR) marcados con fluoróforo reportero FAM (azul).

- Stg 033 (tamaño 131-155 pares de bases)
- Stg 001(tamaño 137-163 pares de bases)
- Stm 1052 (tamaño 214-263 pares de bases)

y tres marcadores microsatélites (SSR) marcados con fluoróforo reportero HEX (verde)

- Sti 032 (tamaño 127-148 pares de bases)
- Stg 016 (tamaño 148-180 pares de bases)
- Sti 012 (tamaño 183-234 pares de bases)
-

SSR	Motivo repetido	Secuencia del primer	Tamaño esperado (pb)	Cromosoma	Fluoróforo
STG033	(CGG) <i>n</i>	gCTCATTgACTgCTAAACCC gAAAgAATTgTgCCgTCgA	148-162	2	FAM
STG001	(CT) <i>n</i>	CAGCCAACATTgTACCCCT ACCCCCACTgCCATATTTT	137-163	11	FAM
STM1052	(AT) <i>n</i> GT (AT) <i>n</i> (GT) <i>n</i>	CAATTTcGTTTTTTCATgTgACAC ATggCgTAATTTgATTTAATACgTAA	214-263	9	FAM
STI032	(GGA) <i>n</i>	TgggAAgAATCCTgAAATgg TgCTCTACCAATTAACggCA	127-148	5	HEX
STG016	(AGA) <i>n</i>	AgCTgCTCAGCATCAAgAgA ACCACCTCaggCACTTCATC	137-174	1	HEX
STI012	(ATT) <i>n</i>	gAAgCgACTTCCAAAATCagA AAAaggAggAATAgAAACCAAAA	183-234	4	HEX

Tabla 3: SSRs utilizados en la caracterización molecular

Las condiciones de amplificación para los 6 SSRs fueron: 1) 94°C, 3 min. 2) 94°C 30 seg, 60°C 30 seg. y 72°C 1 min (x 34 ciclos); 3) 72°C 4 min.

Los análisis de electroforesis capilar, se realizaron en INTA Castelar. Las diluciones fueron preparadas en 1/10 y 1/100. Cada muestra tiene 6 SSR, y por cada par de SSR que tienen aproximadamente el mismo PM, con los filtros de fluorescencia (FAM-azul y HEX-verde). Se utilizó el equipo GA3130xl con capilares de 36cm de IGEAF.

La estrategia para la electroforesis capilar fue pseudomultiplex, donde se amplificaron los SSRs independientemente en cada muestra y luego se armaron los pools de 6 SSRs. Cada muestra con su pool de 6 SSRs, fue enviada al servicio de electroforesis capilar de INTA Castelar (Unidad de Genómica), y se recibieron los archivos para su análisis.



Figura 7: Plantas de papa andina en invernáculo de INTA Balcarce

Los alelos y patrones de variación de peso molecular/tamaño de cada SSR se determinaron a partir de los electroferogramas usando el programa GeneMapper. Se realizaron las lecturas de las diluciones 1:100 y se generaron electroferogramas, que mostraron señal fluorescente con diferente intensidad en forma de una línea para cada fluoróforo con el que se encontraban marcados los cebadores: FAM y HEX. Además, se puntuaron manualmente para cada alelo donde se reportan las presencias o ausencia para cada locus SSR. Se analizaron los picos obtenidos para los primers marcados con fluoróforos empleados, con el fin de identificar las nueve variedades de papa andina objeto de estudio.

Con el software Infogen (2016), a partir de las matrices de datos se cuantificó el número total fragmentos acotados de DNA (BT), el número de fragmentos monomórficos (BM) y polimórficos (BP) y se calculó el Contenido de Información Polimórfica (PIC por sus siglas en inglés *Polymorphic information content*) que evalúa cuán informativo en términos de polimorfismo es un marcador en la población (Aranguren-Mendez et al 2005). El Contenido de Información Polimórfica (PIC) el cual se refiere a la utilidad o valor de un marcador para detectar polimorfismo dentro de una población, depende del número de alelos detectables y la distribución de sus frecuencias y proporciona una estimación de la capacidad de discriminación del marcador (Nagy *et al.*, 2012). Los valores de PIC fueron calculados con el programa PICcalc desarrollado por Nagy *et al.* (2012) que se basa en la fórmula propuesta por Botstein et al., 1980:

$$PIC = 1 - \sum_{i=1}^l p_i^2 - \sum_{i=1}^{l-1} \sum_{j=i+1}^l 2p_i^2 p_j^2$$

donde l es el número de alelos por locus, P_i y P_j son las frecuencias de los alelos i y j en la población.

Los valores de PIC oscilan entre 0 y 1 (Botstein et al., 1980; Shete et al., 2000). Las matrices de datos fueron analizadas mediante el programa GeneMarker® v3.0.0.

Los datos obtenidos con los marcadores SSR fueron utilizados para calcular las distancias genéticas entre los distintos materiales mediante el programa InfoStat (Balzarini y Di Renzo, 2016) y efectuándose un análisis de coordenadas principales (ACoP) y un análisis de conglomerados con el fin de reunir las variedades similares utilizando el método de la distancia promedio (*Average linkage*) y la distancia de Dice (Dice, 1945).

$$DDI = 1 - DSI$$

dónde

$$DSI = 2a / (2a + b + c)$$

En el cual a = número de bandas compartidas entre los individuos “x” e “y”, b = número de bandas presentes en “x” y ausentes en “y”; c = número de bandas presentes en “y” y ausentes en “x”.

1.2 – RESULTADOS

1.2.1 - RECOLECCIÓN del MATERIAL GENÉTICO

Se recolectaron genotipos de cada una de las nueve variedades de papa andina, siguiendo la clasificación efectuada por Pulido et al., (2016) se pudo establecer que las mismas correspondían a las variedades Bolinca alargada, Bolinca redonda, Collareja, Cotagua morada, Cotagua rosada, Malgacha, Morada, Ojos de princesa y Tuni. El lugar de origen de las variedades se muestra en la Tabla 1. En la Figura 8 se presentan las variedades evaluadas.

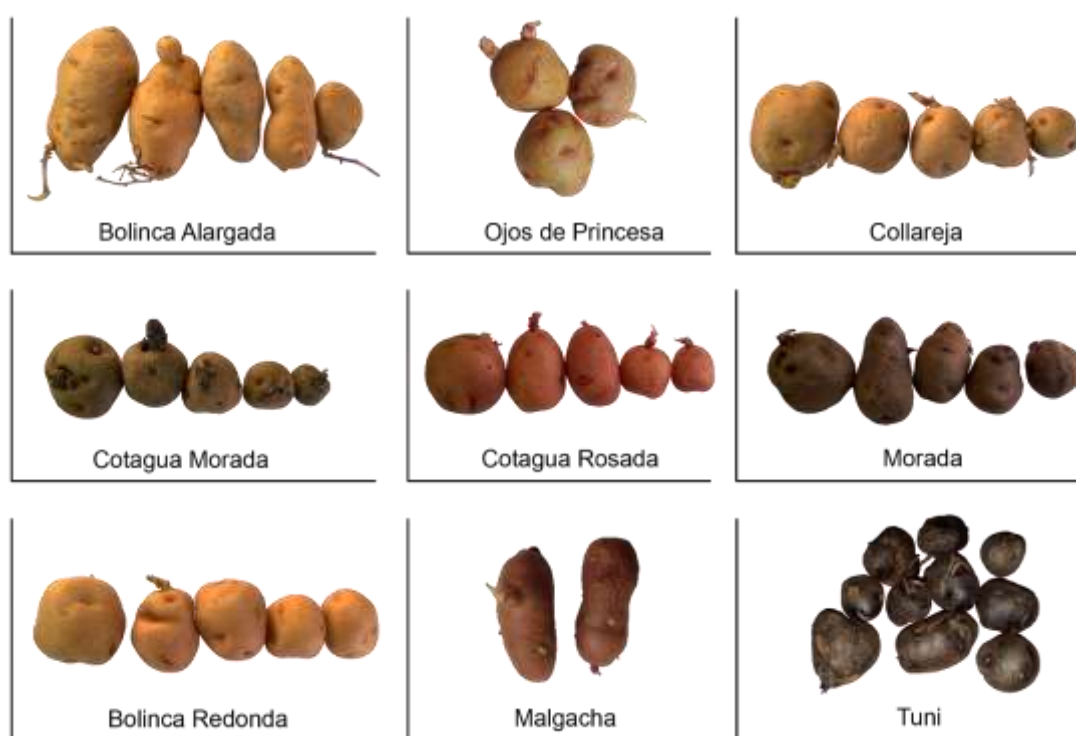


Figura 8: Nueve variedades de papa andina de la provincia de Catamarca. Bolinca alargada, ojos de princesa, collareja, cotagua morada, cotagua rosada, morada, bolinca redonda, malgacha y tuni

1.2.2 - VERIFICACIÓN DEL NIVEL DE PLOIDÍA

1.2.2.1 - Determinación del Nivel cromosómico por conteo cromosómico

El número cromosómico determinó fehacientemente que los materiales utilizados fueron todos tetraploides. A continuación, se adjuntan fotografías de dos de las variedades estudiadas. (Figura N°9)

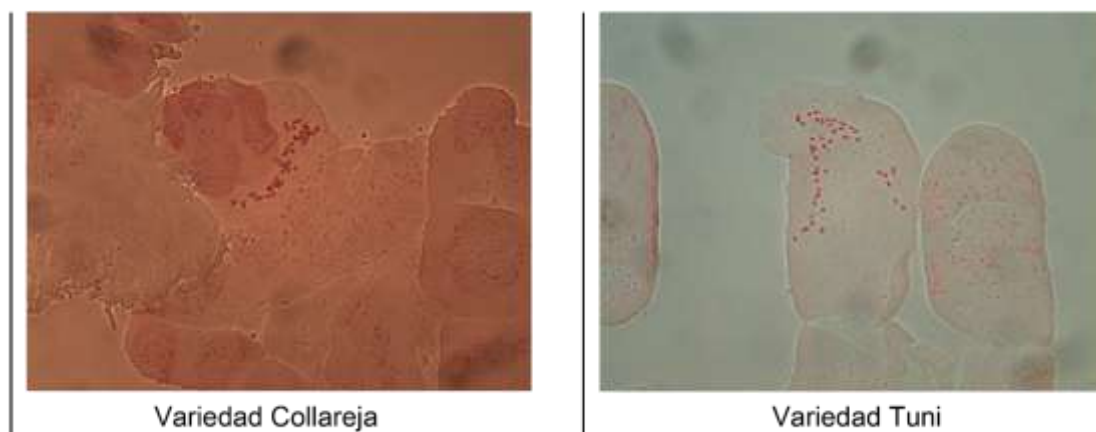
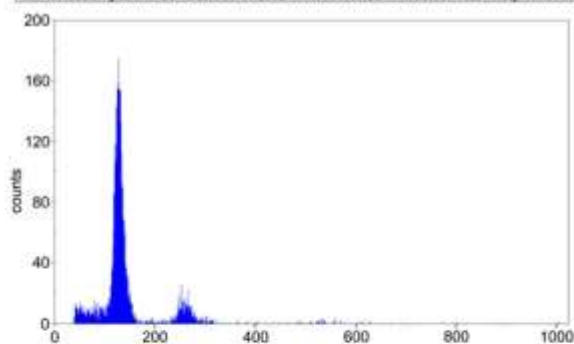


Fig.9: Ejemplo del Número cromosómico ($2n=4X=48$) de las variedades Collareja y Tuni

1.2.2.2 - Determinación del Nivel de ploidía mediante Citometría de flujo

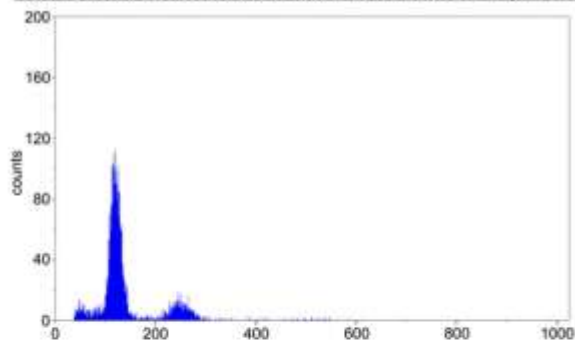
Las muestras de tallos con hojas y tubérculos de las distintas variedades estudiadas mostraron que todas tenían el mismo nivel de ploidía. De la lectura de las mismas se observa que todas ellas son tetraploides. Esto nos permite verificar que los materiales recolectados son todos correspondientes al grupo *andigena*, y que no hay mezclas de especies. (Figura N° 10).

File: variedad 4.patron.FCS Date: 01-01-2002 Time: 00:16:29 Particles: 4820 Acq-Time: 692 s



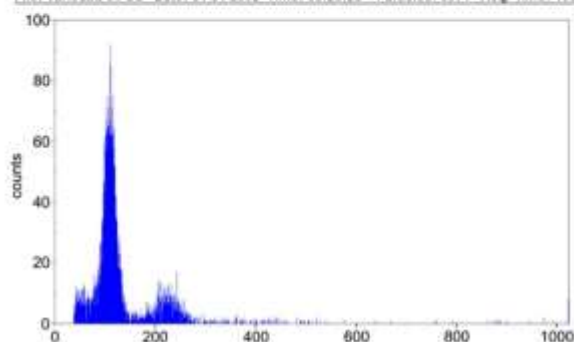
Collareja

File: variedad 9.FCS Date: 01-01-2002 Time: 00:18:42 Particles: 3601 Acq-Time: 68 s



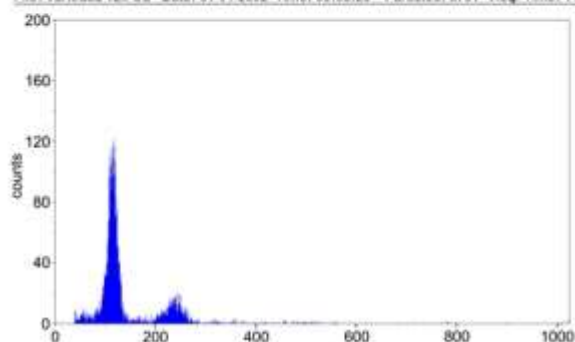
Bolinca Redonda

File: variedad 6.FCS Date: 01-01-2002 Time: 00:25:28 Particles: 3374 Acq-Time: 133 s



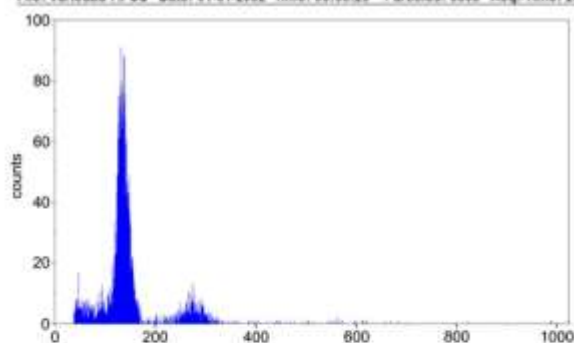
Tuni

File: variedad 12.FCS Date: 01-01-2002 Time: 00:38:25 Particles: 3751 Acq-Time: 14 s



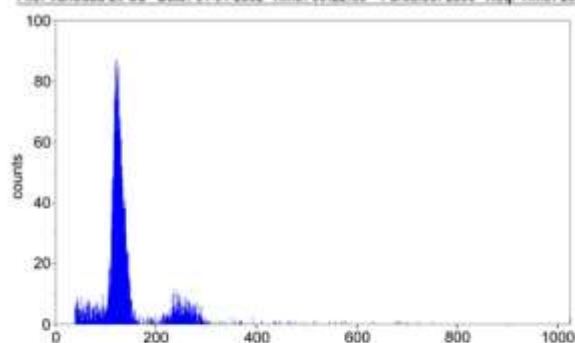
Ojo de Princesa

File: variedad 7.FCS Date: 01-01-2002 Time: 00:30:29 Particles: 3008 Acq-Time: 280 s

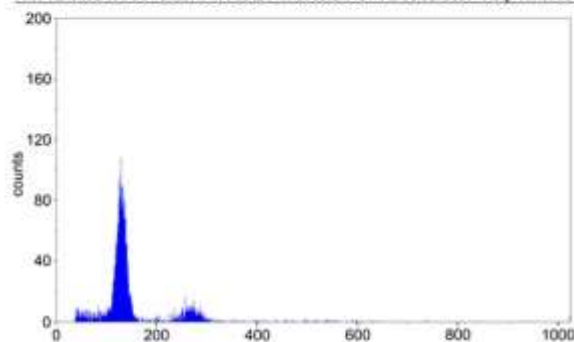


Malgacha

File: variedad 2.FCS Date: 01-01-2002 Time: 00:22:35 Particles: 2596 Acq-Time: 204 s

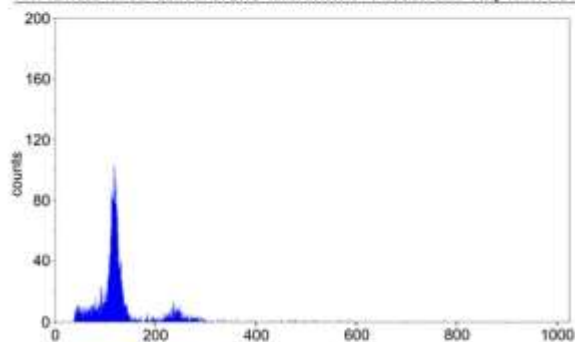


File: variedad 13.FCS Date: 01-01-2002 Time: 00:37:45 Particles: 3097 Acq-Time: 38 s



Morada

File: variedad 18.FCS Date: 01-01-2002 Time: 00:36:39 Particles: 3008 Acq-Time: 342 s



Cotagua Rosada

Figura N° 10: Contenido DNA de las variedades de papa andina de la provincia de Catamarca

1.2.3 - ANÁLISIS DE LA VARIABILIDAD PRESENTE

1.2.3.1 - Caracterización y evaluación del material genético mediante caracteres de tipo cuantitativos

En las Tablas 4, 5 y 6 se presentan los estadísticos principales para los 3 años evaluados. Se observó gran variabilidad para todos los caracteres con valores del coeficiente de variación altos para la mayoría de las variables incluidas el peso de tubérculo y el largo del mismo que son considerados componentes principales del rendimiento. Otra información que se desprende de los datos presentados es que, en general, la localidad de La Calera presenta coeficientes de variación superiores a los de la localidad de Las Piedras Blancas (Tablas 7 y 8). Se presentan los rendimientos promedios en los tres años de evaluación y en los dos ambientes estudiados que discrepan en 343 msnm en sus alturas en la Tabla 9.

Variedad	Carácter	AÑO 2016							
		Las Piedras Blancas				La Calera			
		Media	Min	Max	CV	Media	Min	Max	CV
Collareja	NT	24,27 ± 5,48	15	33	22,59	24,81 ± 5,43	15	33	21,89
	PT (g)	2,04 ± 1,69	0,3	12	82,82	4,41 ± 5,19	0,1	27	117,8
	LT (mm)	15,76 ± 7,89	8	28	31,01	2,02 ± 1,21	0,5	6,4	59,73
	AP (cm)	23,6 ± 3,85	20	30	16,33	37,64 ± 9,65	20	48	25,6
	NR	4	4	4	0	4	4	4	0
	R (tn/ha)	9,22±6,17	3,6	15,82	66,87	4,35±1,28	2,94	5,44	29,43
Bolinca alargada	NT	16,65 ± 3,09	9	25	19,19	18,0 ± 5,43	7	28	30,18
	PT (g)	5,66 ± 5,38	0,3	33	94,98	8,76 ± 10,35	0,2	70	118,8
	LT (mm)	29,68 ± 15,03	6	83	50,62	3 ± 1,64	0,7	7,9	54,76
	AP (cm)	28,75 ± 4,56	24	38	13,39	32,72 ± 10,2	18	48	31,25
	NR	5,67 ± 0,58	5	6	10,19	4	4	4	0
	R (tn/ha)	14,38 ± 6,09	9,81	21,29	42,31	7,96 ± 2,42	6,34	10,74	30,38
Cotagua rosada	NT	28,7 ± 2,87	24	34	10	28,52 ± 2,81	24	34	9,84
	PT (g)	5,05 ± 5,47	0,3	24	108,2	5,77 ± 6,61	0,3	31	114,5
	LT (mm)	21,81 ± 10,07	5	55	46,18	2,38 ± 1,05	0,9	6	44,15
	AP (cm)	25,14 ± 8,79	10	40	34,97	38,7 ± 5,8	22	45	14,98
	NR	5	3	5	0	6 ± 1	5	7	16,67
	R (tn/ha)	13,66 ± 9,2	6,57	24,06	67,4	10,58 ± 0,98	9,62	11,57	9,22
Cotagua morada	NT	18,5 ± 5,5	10	34	29,73	16,23 ± 3,05	10	22	18,83
	PT (g)	6,10 ± 4,20	0,5	16	68,86	12,58 ± 10,6	0,3	45	84,99

	LT (mm)	24,93 ± 8,35	10	45	33,47	3,17 ± 1,46	1	6,1	46,02
	AP (cm)	36,73 ± 13,15	15	56	35,8	41,75 ± 5,96	29	55	14,27
	NR	2	2	2	0	2	2	2	0
	R (tn/ha)	15,91±6,35	8,68	20,56	39,89	9,3±3,65	7,14	13,51	39,25
Morada	NT	20,53 ± 4,24	29	53	15,04	20,48 ± 4,26	10	28	20,81
	PT (g)	2,58 ± 1,77	0,5	8	20,64	3,03 ± 3,89	0,2	22	128,3
	LT (mm)	18,21 ± 6,53	7	8	68,74	1,73 ± 0,87	0,4	5,2	50,27
	AP (cm)	20,99 ± 6,76	15	36	32,22	41,7 ± 7,18	29	55	17,23
	NR	3	3	3	0	4	4	4	0
	R (tn/ha)	3,39±2,02	1,26	5,28	59,57	3,8±0,97	2,81	4,75	25,53
Bolinca redonda	NT	18,12 ± 4,51	10	28	24,86	17,42 ± 4,17	10	28	23,91
	PT (g)	8,98 ± 7,22	0,5	27	80,31	3,99 ± 4,38	0,5	24	109,7
	LT (mm)	25,79 ± 7,91	10	45	30,67	1,98 ± 0,64	0,8	3,9	32,45
	AP (cm)	23,48 ± 1,37	22	25	5,84	26,97 ± 6,02	21	39	22,34
	NR	5,33±0,58	5	6	10,83	5,33±0,58	5	6	10,82
	R (tn/ha)	5,43±2,82	3,58	8,67	51,85	13,39±12,37	2,67	26,93	92,41
Ojos de princesa	NT	16,36 ± 3,13	10	22	19,1	16,73 ± 3,34	10	22	19,96
	PT (g)	5,92 ± 5,93	0,5	42	100,0	9,04 ± 7,91	1,5	35	87,56
	LT (mm)	18,87 ± 7,43	6	50	39,38	2,33 ± 1,2	0,9	5	51,66
	AP (cm)	26,67 ± 4,24	20	34	15,9	26,41 ± 4,32	20	34	16,35
	NR	4	4	4	0	4,33±0,57	4	5	13,32
	R (tn/ha)	14,02±9,86	5,83	24,96	70,28	7,95±0,97	6,93	8,86	12,2
Tuni	NT	11,65 ± 2,01	6	15	17,21	11,76 ± 2,03	6	15	17,26
	PT (g)	13,07 ± 14,55	0,5	92	111,3	11,01 ± 10,4	0,5	46	94,62
	LT (mm)	33,9 ± 16,91	8	86	49,87	3,18 ± 1,37	1,2	7,6	42,93
	AP (cm)	25,22 ± 5,13	15	34	20,33	24,53 ± 5,54	15	34	22,57
	NR	5,33±1,15	4	6	21,65	6	6	6	0
	R (tn/ha)	9,87±3,78	7,41	14,22	38,28	14,88±12,9	5	29,48	86,72
Malgacha	NT	16,37 ± 3,27	11	22	19,94	19,97 ± 4,30	10	28	21,55
	PT (g)	3,00 ± 5,06	0,4	22	101,9	3,98 ± 4,06	0,4	22	101,9
	LT (mm)	20,78 ± 9,05	6	47	43,53	20,78 ± 9,05	6	47	43,56
	AP (cm)	20,87 ± 4,23	12	34	20,26	33,04 ± 4,33	27	40	13,09
	NR	3,67±1,15	3	5	31,49	3	3	5	0
	R (tn/ha)	6,86±1,53	5,11	7,89	22,23	5,35±1,03	4,19	6,15	19,2

Tabla 4. Valores promedios, máximos, mínimos y coeficiente de variación (CV) para el número (NT), peso (PT), largo (LT) y ancho (AT) del tubérculo, la altura de planta (AP) y el rendimiento tn/ha (R) de las diferentes variedades para el año 2016 en las localidades evaluadas.

Variedad	Carácter	AÑO 2017							
		Las Piedras Blancas				La Calera			
		Media	Min	Max	CV	Media	Min	Max	CV
Collareja	NT	24,10 ±5,5	11	33	22,96	24,6±5,4	15	33	22,18
	PT (g)	2,04± 1,69	0,3	12	82,82	3,35±4,0	0,3	25	119,9
	LT (mm)	15,76 ±4,9	8	28	31,01	18,0±8,1	6	60	44,91
	AP (cm)	32,7± 9,70	19	47	29,66	30,9±8,9	15	48	28,63
	NR	3,67±0,58	3	4	15,74	4	4	4	0
	R (tn/ha)	6,89±1,21	6,04	8,27	17,54	4±1,32	2,48	4,86	33,04
Bolinca alargada	NT	16,953,01	10	22	17,76	17,6±57	7	28	32,13
	PT (g)	5,66 ±5,38	0,3	33	94,98	3,9±3,18	0,5	14	82,26
	LT (mm)	29,7±15,0	6	83	50,62	25,4±10	10	57	40,84
	AP (cm)	31,09±8,1	21	46	26,14	32,7±9,5	19	47	28,94
	NR	6	6	6	0	4,67±0,5	4	5	12,37
	R (tn/ha)	5,63±1,21	4,84	7,03	21,54	8,06±0,75	7,22	8,67	9,31
Cotagua rosada	NT	28,7 ±2,87	24	34	10	28,8±2,8	24	34	9,75
	PT (g)	5,05 ±5,47	0,3	24	108,2	3,6±2,54	0,5	8	70,98
	LT (mm)	21,8±1017	5	55	46,18	19,2±6,4	10	35	33,25
	AP (cm)	35,29±7,1	21	44	20,24	39,1±5,6	23	45	14,21
	NR	5	5	5	0	5,33±0,6	5	6	10,82
	R (tn/ha)	9,21±2,51	6,32	10,88	27,28	11,08±0,6 3	10,63	11,8	5,71
Cotagua morada	NT	22,5 ± 6,7	10	34	29,84	16,3±2,9	11	21	17,89
	PT (g)	6,10 ±4,20	0,5	16	68,86	12,2±8,6	1	32	70,49
	LT (mm)	24,9± 8,35	10	45	33,47	28,9±7,0	17	40	24,24
	AP (cm)	43,1± 7,70	29	56	17,87	45,2±8,7	31	55	19,29
	NR	4,67±0,58	4	5	12,37	2	2	2	0
	R (tn/ha)	16,46±5,24	11,5 2	21,95	31,81	10,87±4,7 8	7,24	16,2 9	44
Morada	NT	18,1± 4,54	10	28	24,97	17,5±4,1	10	25	23,48
	PT (g)	2,38±2,38	0,5	15	83,96	4,3±3,86	1	17	87,94
	LT (mm)	18,9± 7,45	7	50	39,42	23,5±9,5	11	53	40,83
	AP (cm)	21,2 ± 6,8	15	36	31,98	36,5±10	15	55	29,77
	NR	3	3	3	0	3	3	3	0
	R (tn/ha)	5,68±3,47	2,62	9,45	61,04	4,35±0,56	3,92	4,98	12,82
Bolinca redonda	NT	18,12±4,5	10	28	24,86	17,5±4,4	10	28	25,16
	PT (g)	8,98±7,22	0,5	27	80,31	5,60±4,5	1	20	81,56
	LT (mm)	27,3± 7,91	10	45	30,67	24,1±8,4	13	49	35,21
	AP (cm)	27,39±5,7	121	39	21,07	24,9±3,1	22	33	12,42

	NR	5,33±0,58	10,8 3	5	6	5,33±0,5	5	6	10,83
	R (tn/ha)	8,8±5,15	3,96	14,21	58,51	7,34±4,1	3,83	11,8 5	55,89
Ojos de princesa	NT	16,38±3,2	10	22	19,59	16,2±3,6	11	22	22,28
	PT (g)	5,92± 5,93	0,5	42	100,0	8,96±9,5	1	39	106,4
	LT (mm)	18,8± 7,53	6	50	39,38	25,8±9,3	13	49	36,1
	AP (cm)	26,64± 4,2	20	34	15,99	26,5±4,4	20	34	16,8
	NR	5	5	5	0	5	5	5	0
	R (tn/ha)	10,42±3,75	6,39	13,81	36	8,07±0,96	7,05	8,96	11,92
Tuni	NT	10,8 ±2,99	4	15	27,62	10,4±3,5	4	15	34,08
	PT (g)	13,0±14,5	0,5	92	111,3	13,0±14	1	92	111,1
	LT (mm)	33,9 ±16,9	8	86	49,87	34,0±16	8	86	49,32
	AP (cm)	24,3 ± 6,2	15	34	25,49	25,0±5,2	15	34	20,88
	NR	6	6	6	0	6	6	6	0
	R (tn/ha)	12,93±11,6 3	5,12	26,29	89,91	14,99±11, 25	5,72	27,5 1	75,04
Malgacha	NT	19,1 ±4,42	10	28	23,1	20,6±4,2	10	28	20,74
	PT (g)	2,84 ±34,0	0,4	22	101,9	3,5±3,2	0,4	17	93,64
	LT (mm)	20,78 ±9,1	6	47	43,56	19,8±7,9	7	58	39,85
	AP (cm)	33,8 ±4,74	25	42	14,01	33,3±4,4	27	41	13,44
	NR	5±2	5	5	40	3	3	3	0
	R (tn/ha)	6,06±0,58	5,64	6,72	9,59	5,73±3,24	2,95	9,29	56,51

Tabla 5. Valores promedios, máximos, mínimos y coeficiente de variación (CV) para el número (NT), peso (PT), largo (LT) y ancho (AT) del tubérculo, la altura de planta (AP) y el rendimiento tn/ha (R) de las diferentes variedades para el año 2017 en las localidades evaluadas.

Variedad	Carácter	AÑO 2018							
		Las Piedras Blancas				La Calera			
		Media	Min	Max	CV	Media	Min	Max	CV
Collareja	NT	23,25 ± 5,19	10	33	22,31	25,3 ± 5,82	15	32	23
	PT (g)	2,14 ± 1,81	0,5	10	84,58	2,38 ± 3,32	0,5	16	139,4 4
	LT (mm)	14,07 ±6,22	1	37	44,2	14,15 ± 10,75	4	50	75,94
	AP (cm)	33,21 ± 9,62	19	47	28,97	34,57 ± 9,3	20	47	26,91
	NR	3	3	3	0	3,37±0,58	3	4	15,74
	R (tn/ha)	5,86±4,56	1,05	10,11	77,75	3,97±0,42	3,56	4,39	10,47

Bolinca alargada	NT	17,09 ± 2,98	10	22	17,4	18,19 ± 4,96	10	28	27,28
	PT (g)	3,98 ± 3,93	0,2	19	98,8	3,75 ± 3,99	0,5	14	82,26
	LT (mm)	22,39 ± 11,10	6	56	49,57	19,35 ± 10,19	7	52	52,68
	AP (cm)	33,44 ± 8,61	21	46	25,75	32,72 ± 9,35	19	47	28,59
	NR	6	6	6	0	5 ± 1	4	6	20
	R (tn/ha)	5,47 ± 0,62	4,89	6,12	11,32	5,58 ± 1,48	4,15	7,11	26,57
Cotagua rosada	NT	28,75 ± 2,83	24	34	9,86	28,87 ± 2,93	24	34	10,14
	PT (g)	2,83 ± 2,74	0,5	12	96,96	4,30 ± 6,37	0,5	30	147,9 6
	LT (mm)	16,23 ± 6,86	6	35	42,26	18,91 ± 8,9	9	50	47,07
	AP (cm)	25,03 ± 8,95	10	40	35,75	35,87 ± 8,14	20	45	22,7
	NR	5,33 ± 0,58	5	6	10,82	4,67 ± 0,58	4	5	12,37
	R (tn/ha)	10,94 ± 9,45	3,93	21,68	86,38	11,92 ± 0,73	11,3 9	12,75	6,09
Cotagua morada	NT	22,95 ± 6,42	12	34	28	16,11 ± 2,99	11	21	18,54
	PT (g)	4,95 ± 5,06	1	21	102,2 9	8,05 ± 7,06	1,5	27	87,64
	LT (mm)	17,37 ± 6,94	9	38	39,95	25,07 ± 6,73	15	38	26,83
	AP (cm)	38,32 ± 9,52	15	56	24,85	42,29 ± 6,74	29	56	15,93
	NR	2	2	2	0	2	2	2	0
	R (tn/ha)	10,49 ± 4,53	5,52	14,38	43,16	12,17 ± 12,05	1,52	25,25	99,05
Morada	NT	17,59 ± 4,42	10	25	25,14	17,45 ± 4,32	10	25	24,78
	PT (g)	4,91 ± 4,08	1	17	83,04	3,87 ± 3,43	1	17	88,57
	LT (mm)	25,16 ± 9,42	13	53	37,45	21,68 ± 6,51	13	40	30,02
	AP (cm)	41,68 ± 5,64	29	53	13,54	42,24 ± 5,1	33	53	12,08
	NR	3	3	3	0	3	3	3	0
	R (tn/ha)	5,36 ± 1,9	3,17	6,61	35,5	6,84 ± 2,88	5,13	10,17	42,11
Bolinca redonda	NT	17,49 ± 4,24	10	28	24,22	23,95 ± 6,51	10	35	27,17
	PT (g)	5,77 ± 6,93	1	56	120,0 1	4,19 ± 3,72	0,5	18	88,72
	LT (mm)	21,25 ± 10,68	4	73	50,25	18,08 ± 8,32	5	53	46,01
	AP (cm)	24,94 ± 5,29	20	53	21,23	27,26 ± 6,25	21	39	22,59
	NR	5	5	5	0	5,33 ± 0,58	5	6	10,82
	R (tn/ha)	8,41 ± 2,15	6,23	10,53	25,57	6,51 ± 2,04	4,98	8,83	31,34
Ojos de princesa	NT	15,94 ± 2,98	11	21	18,69	17 ± 3,43	11	22	20,18
	PT (g)	8,06 ± 9,64	1	39	101,1	10,06 ± 10,64	1	39	105,82

	LT (mm)	26,89 ± 10,12	14	49	37,62	26,89 ± 10,12	14	49	37,62
	AP (cm)	26,72 ± 4,35	20	34	16,28	26,56 ± 4,31	20	34	16,25
	NR	5±1	4	6	20	5	5	5	0
	R (tn/ha)	13,83±8,65	5,65	22,88	62,53	12,98±2,66	9,96	14,96	20,46
Tuni	NT	10,9 ± 3,21	4	15	29,43	11,10 ± 3,38	6	14	30,46
	PT (g)	2,24 ± 2,57	0,5	16	114,54	2,30 ± 1,93	0,5	5	84,01
	LT (mm)	14,08 ± 8,43	1	50	59,84	20 ± 9,93	11	32	49,67
	AP (cm)	25,64 ± 4,75	15	34	18,53	26,2 ± 4,85	20	34	18,51
	NR	6	6	6	0	6,67±0,58	6	7	8,66
	R (tn/ha)	2,23±0,98	1,17	3,11	44,03	2±0,25	1,82	2,28	12,29
Malgach a	NT	17,13 ± 3,52	11	26	20,54	19,66 ± 4,2	10	27	21,37
	PT (g)	5,30 ± 4,12	0,4	22	77,7	4,57 ± 4	0,4	22	87,61
	LT (mm)	24,36 ± 9,5	6	47	38,99	21,79 ± 8,46	6	47	38,84
	AP (cm)	26,7 ± 7,99	12	42	29,92	33,2 ± 4,56	27	40	13,74
	NR	3	3	3	0	3	3	3	0
	R (tn/ha)	7,04±1,9	5,67	9,21	27,04	7,4±0,26	7,11	7,61	3,49

Tabla 6. Valores promedios, máximos, mínimos y coeficiente de variación (CV) para el número (NT), peso (PT), largo (LT) y ancho (AT) del tubérculo, la altura de planta (AP) y el rendimiento tn/ha (R) de las diferentes variedades para el año 2018 en las localidades evaluadas.

En la Tabla 7 se muestran los valores del coeficiente de variación para las variables Número de tubérculo (NT), Peso de Tubérculo (PT) Largo del tubérculo (LT), Número de Ramificaciones (NR), Altura de planta (AP) y Rendimiento (R) según las localidades de evaluación. Seguida por la Tabla 8, con los Valores del Coeficiente de Variación (CV) para las variables Número de tubérculo (NT), Peso de Tubérculo (PT) Largo del tubérculo (LT), Número de Ramificaciones (NR), Altura de planta (AP) y Rendimiento (R) según el año de evaluación. Y en la Tabla 9 los valores medios de rendimiento por año y por localidad.

Localidad	NT	PT	LT	NR	AP	R
Las Piedras Blancas	28,63	84,46	33,28	29,76	21,95	66,98
La Calera	26,46	76,06	39,29	31,63	19,35	64,50

Tabla 7: Valores del Coeficiente de Variación (CV) para las variables Número de tubérculo (NT), Peso de Tubérculo (PT) Largo del tubérculo (LT), Número de Ramificaciones (NR), Altura de planta (AP) y Rendimiento (R) según las localidades de evaluación.

Año	NT	PT	LT	NR	AP	R
2016	25,36	78,88	48,41	30,32	22,99	68,25
2017	28,68	87,62	31,15	27,53	21,03	60,10
2018	28,65	60,88	25,35	34,19	19,55	67,29

Tabla 8: Valores del Coeficiente de Variación (CV) para las variables Número de tubérculo (NT), Peso de Tubérculo (PT) Largo del tubérculo (LT), Número de Ramificaciones (NR), Altura de planta (AP) y Rendimiento (R) según el año de evaluación.

Año	Localidad	R (tn/ha)
2016	Las Piedras Blancas	10,31
	La Calera	8,62
2017	Las Piedras Blancas	9,12
	La Calera	8,28
2018	Las Piedras Blancas	7,74
	La Calera	7,71

Tabla 9: valores medios de rendimiento (R) en tn/ha de papa andina por año y por localidad

1.2.3.1.1 - Análisis de la varianza para los caracteres cuantitativos

La prueba de Shapiro-Wilk (Shapiro y Wilk, 1965) permitió verificar que la mayoría de los caracteres presentaron una distribución normal excepto la variable rendimiento que fue transformada mediante el $\log_{10}$ para lograr su normalidad. Los resultados obtenidos por el análisis de la varianza para cada uno de los caracteres cuantitativos se muestran a continuación.

1.2.3.1.1.1 -Números de tubérculos (NT)

F.V.	GL	CM	F
Bloque	2	13,34	2,64*
Genotipos	8	412,91	14,41*
Localidad	1	11,95	0,42 ^{ns}
Año	2	4,45	0,15 ^{ns}
Genotipos*Localidad	8	28,65	5,04*
Genotipos*Año	16	4,48	0,79 ^{ns}
Localidad *Año	2	0,56	0,10 ^{ns}
Genotipos*Localidad*Año	16	5,05	0,89 ^{ns}

Tabla 10: Análisis de la Varianza para Número de tubérculo (NT), por genotipo, localidad, año y sus interacciones. ns: Diferencias no significativas. *: Diferencias significativas.

Existen diferencias significativas en genotipos ($F=14,41$; $p<0,001$), en bloques ($F=2,64$; $p<0,001$) y en la interacción genotipo por localidad ($F=5,04$; $p<0,05$), mientras que para el resto de los factores y las interacciones no se presentaron diferencias significativas. (Tabla 10).

La prueba de comparación de los valores promedios de Tukey para número de tubérculos se muestra en la Tabla 11:

Variedad	Valores promedios
Tuni	11,22 ^a
Ojos de princesa	16,50 ^b
Bolinca redonda	17,28 ^b
Bolinca alargada	17,44 ^b
Morada	17,72 ^b
Malgacha	18,56 ^b
Cotagua morada	18,78 ^b
Collareja	24,44 ^c
Cotagua rosada	27,94 ^d

Tabla 11: Valores promedios de Tukey de Número de tubérculos (NT) para las diferentes variedades estudiadas. Valores de igual letra no difieren estadísticamente

En el cuadro de contraste de valores promedios se observa que Tuni es la variedad que presenta menor número de tubérculo, y Collareja y Cotagua rosada presentaron los mayores valores promedios.

1.2.3.1.1.2 - Peso de tubérculo (PT)

F.V.	gl	CM	F
Bloque	2	110,48	2,45 ^{ns}
Genotipos	8	111,56	2,89*
Localidad	1	3,47	0,08 ^{ns}

Año	2	45,02	1,17 ^{ns}
Genotipos* Localidad	8	23,14	1,55 ^{ns}
Genotipos*Año	16	38,64	2,59 [*]
Localidad *Año	2	2,67	0,18 ^{ns}
Genotipos* Localidad *Año	16	5,96	0,40 ^{ns}

Tabla 12: Análisis de la Varianza para Peso de tubérculo (PT), por genotipo, localidad, año y sus interacciones. ns: Diferencias no significativas. *: Diferencias significativas.

Se observa que existen diferencias significativas en los valores promedios de las diferentes variedades para esta variable (F corregido=2,89; $p<0,05$) y para la interacción genotipo por año ($F=2,59$; $p<0,05$), mientras que, para localidad, año, y el resto de las interacciones dobles y la triple no se manifestaron diferencias significativas (Tabla 12). Los valores promedios para las diferentes variedades se muestran en la Tabla 13.

Variedad	Valores promedio
Collareja	2,78 ^a
Morada	3,46 ^a
Malgacha	4,24 ^{ab}
Cotagua rosada	5,02 ^{ab}
Bolinca alargada	5,35 ^{ab}
Bolinca redonda	6,27 ^{abc}
Ojos de princesa	8,27 ^{bc}
Cotagua morada	8,29 ^{bc}
Tuni	10,21 ^c

Tabla 13: Valores promedios de Tukey de Peso de tubérculo (PT) para las diferentes variedades estudiadas. Valores de igual letra no difieren estadísticamente

Las variedades Collareja y Morada presentan los menores pesos de tubérculo mientras que la variedad Tuní manifiesta los mayores valores.

1.2.3.1.1.3 - Largo de tubérculo (LT)

F.V.	Gl	CM	F
Bloque	2	240,59	3,08
Genotipos	8	103,02	1,32 ^{ns}
Localidad	1	153,34	1,96 ^{ns}
Año	2	280,94	3,62*
Genotipos* Localidad	8	84,55	1,98 ^{ns}
Genotipos*Año	16	141,61	1,81 ^{ns}
Localidad *Año	2	190,06	2,44 ^{ns}
Genotipos* Localidad *Año	16	78,04	2,40*

Tabla 14: Análisis de la Varianza para Largo de tubérculo (LT), por genotipo, localidad, año y sus interacciones. ns: Diferencias no significativas. *: Diferencias significativas.

Para esta variable, ni los genotipos ni las localidades presentaron diferencias significativas, pero si lo fueron para el efecto principal año ($F=3,62$; $p<0,05$) y para la triple interacción ($F=2,40$; $p<0,05$). El resto de las interacciones no fueron estadísticamente significativas (Tabla 14).

El análisis de los años de evaluación mostró que en el 2017 se cosecharon los tubérculos más largos (Tabla 15).

Año	Valor promedio
2016	20,02 ^a
2018	20,84 ^a
2017	24,21 ^b

Tabla 15: Valores promedios de Tukey de Largo de tubérculo (PT) para las diferentes variedades estudiadas. Valores de igual letra no difieren estadísticamente

1.2.3.1.1.4- Número de ramificaciones (NR)

F.V.	Gl	CM	F
Bloque	2	0,19	0,70 ^{ns}

Genotipos	8	25,85	37,46**
Localidad	1	1,21	1,73
Año	2	1,58	2,29
Genotipos* Localidad	8	2,02	2,92*
Genotipos*Año	16	1,00	1,44
Localidad *Año	2	1,80	2,61
Genotipos* Localidad *Año	16	0,69	2,53*

Tabla 16: Análisis de la Varianza para Número de ramificaciones (NR), por genotipo, localidad, año y sus interacciones. ns: Diferencias no significativas. *: Diferencias significativas. **: Diferencias altamente significativas

La variable Número de ramificaciones mostró diferencias significativas para genotipos ($F=37,46$ $p<0.05$), para la interacción doble genotipo por localidad ($F=2,92$; $p<0.05$), y la triple interacción genotipo por localidad por año ($F=2,53$; $p<0.05$) (Tabla 16).

Las variedades mostraron ser todas diferentes tal como se observa de la comparación de los valores promedios siendo Cotagua morada la variedad que menos ramifica y Tuni la que muestra mayor número de las mismas (Tabla 17).

Variedad	Valor Promedio
Cotagua morada	2,44 ^a
Morada	3,17 ^b
Malgacha	3,44 ^{bc}
Collareja	3,72 ^c
Ojos de princesa	4,72 ^d
Cotagua rosada	5,22 ^{de}
Bolinca alargada	5,22 ^e
Bolinca redonda	5,28 ^e
Tuni	6,00 ^f

Tabla 17: Valores promedios de Tukey de Número de ramificaciones (NR) para las diferentes variedades estudiadas. Valores de igual letra no difieren estadísticamente

1.2.3.1.1.5 - Altura de planta (AP)

F.V.	gl	CM	F
Bloque	2	3,58	0,11 ^{ns}
Genotipos	8	509,70	16,29**
Localidad	1	541,57	17,30**
Año	2	115,78	3,70*
Genotipos* Localidad	8	53,61	1,71
Genotipos*Año	16	42,12	1,35
Localidad *Año	2	129,94	4,15*
Genotipos* Localidad *Año	16	31,29	5,83*

Tabla 18: Análisis de la Varianza para Altura de planta (AP), por genotipo, localidad, año y sus interacciones. ns: Diferencias no significativas. *: Diferencias significativas. **: Diferencias altamente significativas

La variable altura de planta mostró diferencias significativas tanto en los efectos principales de genotipo ($F=16,29$; $p<0.05$), localidad ($F=17,30$; $p<0.05$) y año ($F=3,70$ $p<0.05$), como en las interacciones localidad por año ($F=4,15$; $p<0.05$), y en la interacción triple genotipo por localidad y por año ($F=5,83$; $p<0.05$) (Tabla 18). Los valores promedios muestran una gradación de alturas en las variedades siendo Cotagua morada la más alta y Tuni la de inferior altura. El resto de las variedades presentan valores intermedios (Tabla 19).

Variedad	Valor promedio
Tuni	25,21 ^a
Bolinca redonda	25,70 ^a
Ojos de princesa	26,53 ^a
Malgacha	29,95 ^b
Bolinca alargada	31,89 ^b
Collareja	32,21 ^b
Morada	35,19 ^c
Cotagua rosada	35,48 ^c
Cotagua morada	41,31 ^d

Tabla 19: Valores promedios de Tukey de Altura de planta (AP), para las diferentes variedades estudiadas. Valores de igual letra no difieren estadísticamente

La localidad La Calera al igual que los años 2 y 3 permitieron manifestar una mayor altura de planta (Tabla 20).

Localidad	Valor promedio	Año	Valor promedio
Las Piedras Blancas	29,67 ^a	2016	30,03 ^a
La Calera	33,33 ^b	2017	31,71 ^b
		2018	32,75 ^b

Tabla 20: Valores promedios de Tukey de Altura de planta (AP) por localidad y por año de evaluación, para las diferentes variedades estudiadas. Valores de igual letra no difieren estadísticamente

1.2.3.1.1.6- Rendimiento (kg/parcela) – Transformado L10

F.V.	gl	CM	F
Genotipos	8	0,36	7,29***
Localidad	1	0,05	1,05
Año	2	1,15	7,02***
Bloque	2	0,23	4,71***
Genotipos*Localidad	8	0,04	0,84
Genotipos*Año	16	0,16	3,21***
Ambiente*Año	2	0,02	0,37
Genotipos*Localidad*Año	16	0,02	0,50

Tabla 21: Análisis de la Varianza para Rendimiento (R), por genotipo, localidad, año y sus interacciones. ns: Diferencias no significativas. *: Diferencias significativas. **: Diferencias altamente significativas

Variedad	Valor promedio
Morada	2,73 ^a
Collareja	2,77 ^a
Tuni	2,87 ^{ab}
Malgacha	2,87 ^{ab}
Bolinca redonda	2,93 ^{ab}
Bolinca alargada	2,94 ^{ab}
Ojos de princesa	3,09 ^b
Cotagua rosada	3,10 ^b
Cotagua morada	3,11 ^b

Tabla 22: Valores promedios de Tukey de Rendimiento (R), para las diferentes variedades estudiadas. Valores de igual letra no difieren estadísticamente

Año	Valor promedio
2018	2,68 ^a
2017	2,96 ^b
2016	2,97 ^b

Tabla 23: Valores promedios de Tukey de Rendimiento (R), por año de evaluación. Valores de igual letra no difieren estadísticamente

Se observa que existen diferencias significativas en los valores promedios de las diferentes variedades para esta variable ($F=3,20$; $p<0.05$), diferencias entre años de evaluación ($F=7,02$; $p<0.05$) y para la interacción genotipo por año ($F=3,21$; $p<0.05$) (Tabla 21).

Los valores promedios para las diferentes variedades se muestran en la Tabla 22, donde Cotagua morada, Cotagua rosada y Ojos de princesa presenta mayor rendimiento, mientras que las que presentan inferior valor son Morada y Collareja el resto presentan un valor intermedio (Tabla 22).

El análisis de los años de evaluación mostró que en el 2016 y 2017 se obtuvieron mayores rendimientos (Tabla 23).

1.2.3.1.2 - Estimación de la Heredabilidad

A partir de los valores de los cuadrados de medias del ANDEVA se realizaron las estimaciones de la heredabilidad en sentido amplio, teniendo en cuenta los componentes de variancia entre (σ^2_e) y dentro (σ^2_g) y se calculó la heredabilidad en sentido amplio establecida por Falconer y Mackay (1996), bajo la suposición de no dominancia, al ser los materiales de tipo clonal. Las estimaciones de heredabilidad proporcionan una indicación confiable de la mejora esperada a través de la selección. Según Slight (2005), la heredabilidad se puede clasificar como baja si el valor obtenido es inferior o igual a 0,20 ($H^2 < 0,20$), media o moderada si los valores fluctúan entre 0,20 y 0,50 ($0,20 < H^2 < 0,50$) y alta si los valores obtenidos son superiores a 0,50 ($H^2 > 0,50$).

Los valores para los caracteres evaluados fueron:

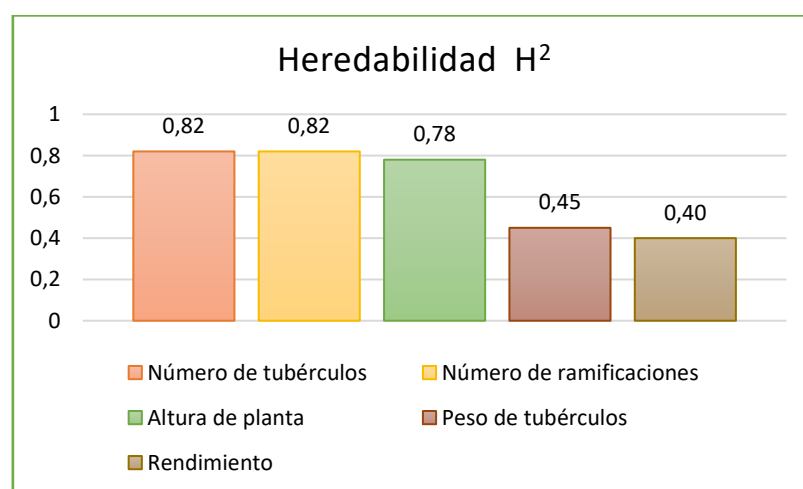


Figura 11: Valores de heredabilidad para 5 variables

No se calculó la heredabilidad para largo de tubérculo debido a que no presentaban diferencias significativas en los valores promedios de las diferentes variedades para esta variable.

Según los estudios de la heredabilidad, los valores más altos son para número de tubérculos ($h^2 = 0,82$) y número de ramificaciones ($h^2 = 0,82$) luego sigue altura de planta ($h^2 = 0,78$); los caracteres que presentan heredabilidad media son Peso de tubérculo ($h^2 = 0,45$) y rendimiento ($h^2 = 0,40$) mientras que para largo de tubérculo la heredabilidad es muy baja o nula (Figura 11).

1.2.3.1.3 - Análisis de correlación de Pearson

Para obtener una medida de la magnitud (y dirección) de la asociación de cada par de variables se utilizó el coeficiente de correlación de Pearson, que representa la covarianza de los valores muestrales estandarizados. Asume valores en el intervalo $[-1;1]$ y el signo indica la dirección de la asociación (valores negativos se producen cuando la tendencia promedio indica que, si un valor en el par observado es más grande que su media, el otro valor es más pequeño que su media). Para ello se realizaron las siguientes correlaciones:

	NT	PT	LT	NR	AP
PT	-0,32*				
LT	-0,22	0,60**			
NR	-0,16	0,08	0,14		
AP	0,34*	-0,07	-0,10	-0,42*	
R	0,15	0,75**	0,48*	-0,02	0,11

Tabla 24: Valores de correlación fenotípica entre los caracteres cuantitativos: Peso de tubérculo (PT), largo de tubérculo (LT), Número de ramificaciones (NR) Altura de planta (AP) y Rendimiento (R) para los dos ambientes La Calera y Las Piedras Blancas. ** Correlaciones altas, * Correlaciones medias. Colores naranjas para correlaciones positivas y celestes para las negativas.

Considerando las dos localidades (Las Piedras Blancas y La Calera), existe correlación alta y positiva entre peso de tubérculo y rendimiento ($r = 0,75$; $p < 0,01$) y entre largo de tubérculo y peso de tubérculo ($0,60$; $p < 0,01$) y una correlación media entre largo de tubérculo y rendimiento ($r = 0,48$; $p < 0,05$). Por su parte se manifiesta una correlación negativa con valores medios entre altura de planta y número de ramificaciones ($r = -0,42$; $p < 0,05$) y entre peso de tubérculo y número de los mismos ($r = -0,32$; $p < 0,05$). (Tabla 24).

	NT	PT	LT	NR	AP
PT	-0,32*				
LT	-0,27*	0,88**			
NR	-0,26*	0,22	0,31*		
AP	0,36*	-0,10	-0,04	-0,19	
R	0,20	0,72**	0,75**	0,14	0,13

Tabla 25: Valores de correlación fenotípica entre los caracteres cuantitativos: Peso de tubérculo (PT), largo de tubérculo (LT), Número de ramificaciones (NR), Altura de planta (AP) y Rendimiento (R) para la localidad de Las Piedras Blancas. ** Correlaciones altas, * Correlaciones medias. Colores naranjas para correlaciones positivas y celestes para las negativas.

Para la localidad de Las Piedras Blancas, entre peso de tubérculo y rendimiento la correlación es alta y positiva con un valor de $r = 0,72$; $p < 0,01$ como así también entre el peso y el largo del tubérculo ($r = 0,88$; $p < 0,01$) y entre rendimiento y largo del tubérculo ($r = 0,75$; $p < 0,01$), mientras que entre número y peso de tubérculo existe una correlación negativa media con un valor de un valor de $r = -0,32$; $p < 0,05$ como así también entre número de ramificaciones y largo de tubérculo $r = -0,31$; $p < 0,05$, respectivamente. (Tabla 25).

	NT	PT	LT	NR	AP
PT	-0,33*				
LT	-0,15	0,35*			
NR	-0,04	-0,05	-0,03		
AP	0,31	-0,07	-0,10	-0,65**	
R	0,09	0,79**	0,26	-0,15	0,07

Tabla 26: Valores de correlación fenotípica entre los caracteres cuantitativos: Peso de tubérculo (PT), largo de tubérculo (LT), Número de ramificaciones (NR), Altura de planta (AP) y Rendimiento (R) para la localidad de La Calera. ** Correlaciones altas, * Correlaciones medias. Colores naranjas para correlaciones positivas y celestes para las negativas.

En la localidad de La Calera, se observan correlaciones altas y positivas entre rendimiento y peso del tubérculo ($r = 0,79$; $p < 0,01$) y más débil entre largo de tubérculo y peso de tubérculo ($r = 0,33$; $p < 0,05$) y una correlación débil y negativa entre peso de tubérculo y número de tubérculo ($r = -0,33$; $p < 0,05$) y más elevada para altura de planta y número de ramificaciones ($r = -0,65$; $p < 0,01$). Para el resto de variables la asociación que se observa es baja o nula. (Tabla 26).

1.2.3.1.4 - Estimación de las distancias genéticas entre las variedades

A partir de los datos morfológicos se determinaron las distancias genéticas entre los nueve genotipos utilizando las distancias Euclídeas. La matriz de distancias se muestra en la Tabla 22. De los datos de esta matriz de distancia se observa que los genotipos que están más cercanos son Bolinca Redonda y Bolinca Alargada (distancia= 1,23), luego sigue Morada y Collareja a 1,65; Malgacha y Bolinca Alargada están a 1,71 de distancia. Los genotipos que están más alejados, es decir, a mayor distancia son Tuni y Cotagua Rosada (5,13); Tuni y Morada (5,14) y Tuni y Collareja (5,53).

	Bolinca alargada	Bolinca redonda	Collareja	Cotagua morada	Cotagua rosada	Malgacha	Morada	Ojos de princesa
Bolinca redonda	1,23							
Collareja	3,47	3,73						
Cotagua morada	3,41	4,08	4,53					
Cotagua rosada	2,88	3,39	3,13	3,60				
Malgacha	1,71	1,98	2,64	3,28	3,28			
Morada	3,32	3,74	1,65	4,05	3,94	2,39		
Ojos de princesa	2,10	1,64	4,16	3,43	3,27	2,64	4,11	
Tuni	2,81	2,22	5,53	4,95	5,13	3,75	5,14	2,63

Tabla 27: Matriz de distancias Euclídeas entre las variedades de papa andina

1.2.3.1.5 - Análisis de componentes principales (ACP)

El análisis de componentes principales, realizado sobre la base de los caracteres evaluados, permitió explicar con dos componentes principales el 79 % de la variación total (Tabla 28).

Lambda	Valor	Proporción	Prop Acum
1	3,27	0,545	0,545
2	1,49	0,249	0,794
3	0,90	0,15	0,94
4	0,24	0,04	0,98
5	0,08	0,01	1,00
6	0,02	3,3E-03	1,00

Tabla 28: Eigenvalue y proporción de variancia explicada por Componentes principales (CP) y proporción acumulada

La CP1 explica un 54,5 % de la variabilidad total y el CP2 un 24,9%. La distribución de las variables en cada componente principal y el valor de correlación con las variables originales se muestra en la Tabla 29.

Variables	CP1	CP2
NT	-0,42	0,16
PT	0,49	0,36
LT	0,51	0,06
NR	0,37	-0,29
AP	-0,35	0,55
R	0,24	0,67

Tabla 29: Distribución de las variables Número de tubérculos (NT), Peso de tubérculo (PT), largo de tubérculo (LT), Número de ramificaciones (NR), Altura de planta (AP) y Rendimiento (R) en Componente principal uno (CP1) y Componente principal dos (CP2) y el valor de correlación con las variables originales.

Al analizar los autovectores, coeficientes asociados a las variables, estos son ponderadores, mientras más grande sea este coeficiente mayor inercia o peso tendrá esa variable para explicar la variabilidad de las observaciones; es así que para la CP1 las variables cuantitativas que poseen los coeficientes más altos son: largo de tubérculo con 0,51, peso de tubérculo con 0,49, y número de ramificaciones con 0,37 estos contribuyeron significativa y positivamente a la formación de la primera componente, mientras que número de tubérculos con un valor de -0,42 lo hizo significativamente, pero de forma negativa. En la componente dos, la altura de planta con un valor de 0,55 y el rendimiento con 0,67 contribuyeron de forma positiva y significativa en la formación de esta componente.

En la Figura 12 se muestra la distribución de los caracteres cuantitativos y su relación con los diferentes genotipos en función de las dos primeras CP.

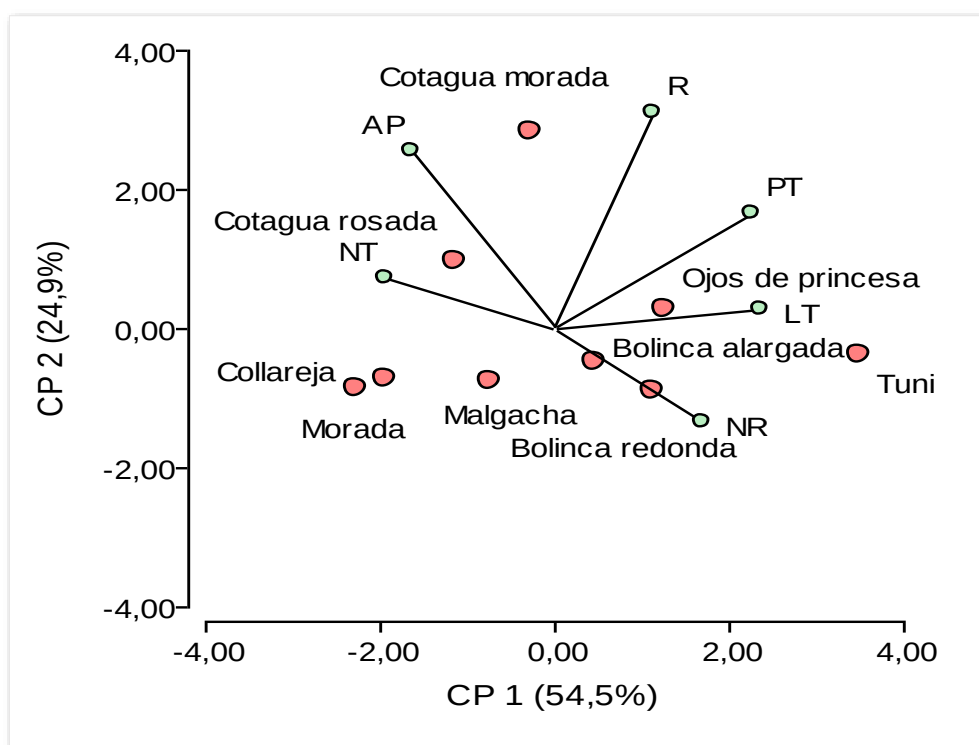


Figura 12: Análisis de los Componentes principales de los caracteres cuantitativos y su relación con diferentes genotipos de papa andina

En el *biplot*, se observa que para los genotipos Ojo de Princesa, Bolinca Redonda, Bolinca Alargada y Tuni la principal fuente de variación lo constituye el peso de tubérculo (PT), el largo del tubérculo (LT) y, por otro lado, número de tubérculos (NT) lo hace de forma negativa. Para los genotipos Collareja, Morada, Cotagua Rosada, Cotagua Morada y Malgacha la variabilidad está dada por altura de planta (AP), número de tubérculos (NT) y rendimiento (R).

1.2.3.1.6 - Análisis de Conglomerados

En el Análisis multivariado se utilizó el agrupamiento de variables a través del análisis de conglomerados jerárquicos para estudiar las correspondencias entre ellas y determinar la asociación entre las variables y los genotipos estudiados, se muestra en la Figura 13. Los datos fueron agrupados entre pares de morfotipos, cuyos coeficientes fueron transformados en distancias Euclídeas. Se puede observar que la similitud y disimilitud de las 9 variedades de papas andinas estudiadas están en los rangos de 1,23 a 5,53.

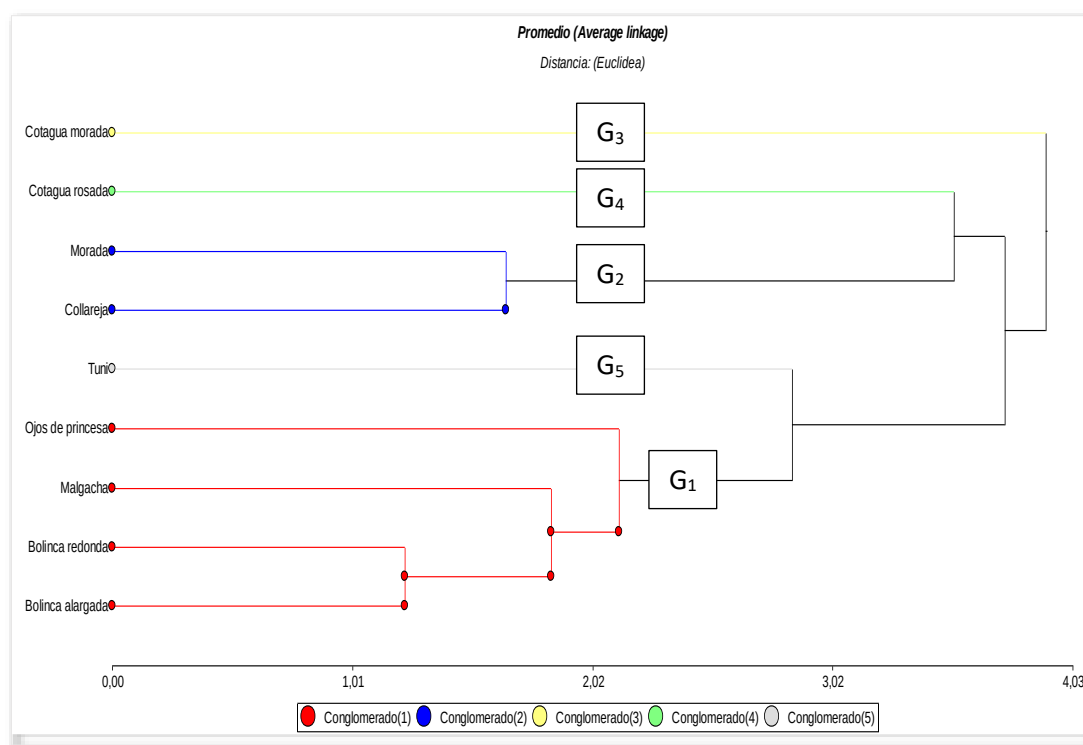


Figura 13: Dendrograma para los caracteres cuantitativos

El análisis de agrupamiento permitió la conformación de cinco grupos. G1: que agrupa a las variedades Bolinca Alargada, Bolinca Redonda, Malgacha y Ojos de Princesa; G2: Collareja y Morada; G3: Cotagua Morada; G4: Cotagua Rosada y G5: Tuni. Los valores promedio de cada grupo para las diferentes variables se muestran en la Tabla 30.

	NT	PT	LT	NR	AP	R
G1	17,45 ^{ab}	6,03 ^{abc}	1,33	4,67 ^{bc}	28,52 ^{ab}	-0,04 ^a
G2	21,08 ^b	3,12 ^a	1,24	3,45 ^{ab}	33,70 ^{abc}	-0,25 ^{ab}
G3	18,78 ^b	8,29 ^{bc}	1,33	2,44 ^a	41,31 ^c	0,11 ^c
G4	27,94 ^c	5,02 ^{ab}	1,29	5,22 ^{bc}	35,48 ^{bc}	0,10 ^c
G5	11,22 ^a	10,21 ^c	1,36	6,00 ^c	25,21 ^a	-0,13 ^{ab}

Tabla 30: Valores promedios para el número (NT), peso (PT), largo (LT) y ancho (AT) del tubérculo, la altura de planta (AP) y el rendimiento por parcela (R) de los diferentes grupos

El G1 se caracteriza por presentar valores intermedios para todas las variables analizadas, G2 presenta los menores valores de rendimiento, G3 se caracteriza por presentar la mayor altura de planta un buen rendimiento, por su parte el grupo 4 tiene mayor valor para

número de tubérculo y un rendimiento similar al del grupo 3 (ya que no se diferencian significativamente) y finalmente el grupo 5 presenta valores elevados para el peso de los tubérculos y el mayor número de ramificaciones. Los grupos 3, y el grupo 4 los más prometedores desde el punto de vista productivo.

1.2.3.2 - Análisis de la variabilidad a través de marcadores moleculares

El DNA extraído de las diferentes variedades permitió la genotipificación de las mismas. A continuación, se presenta la figura de la electroforesis en geles de agarosa.

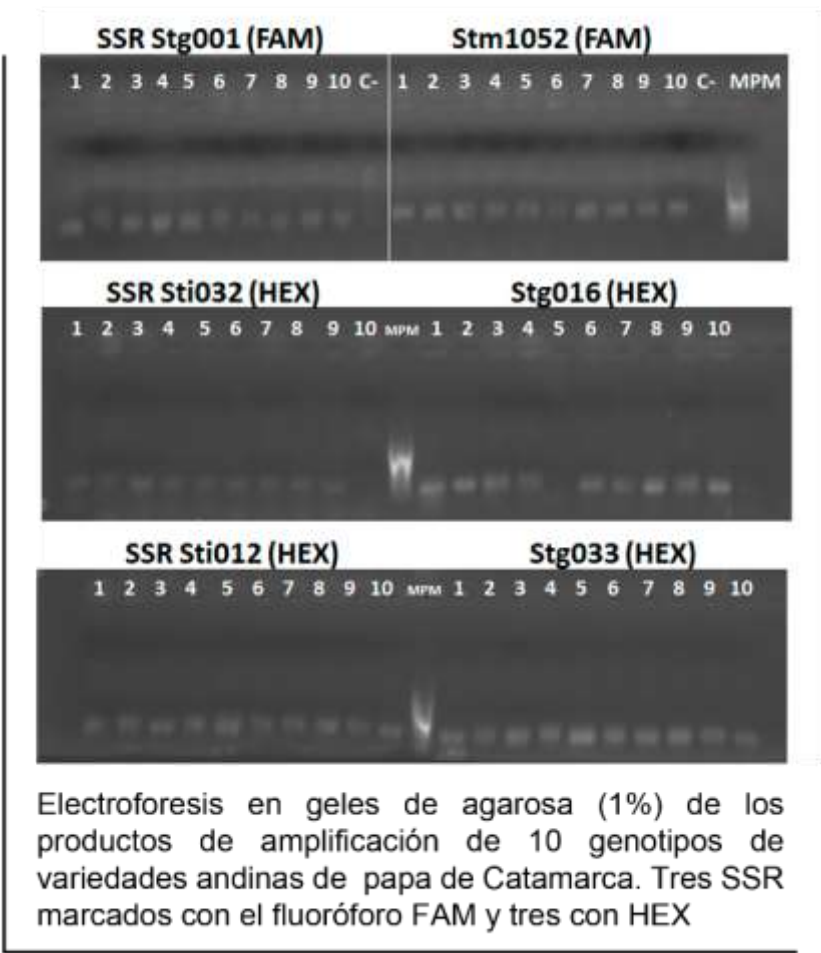
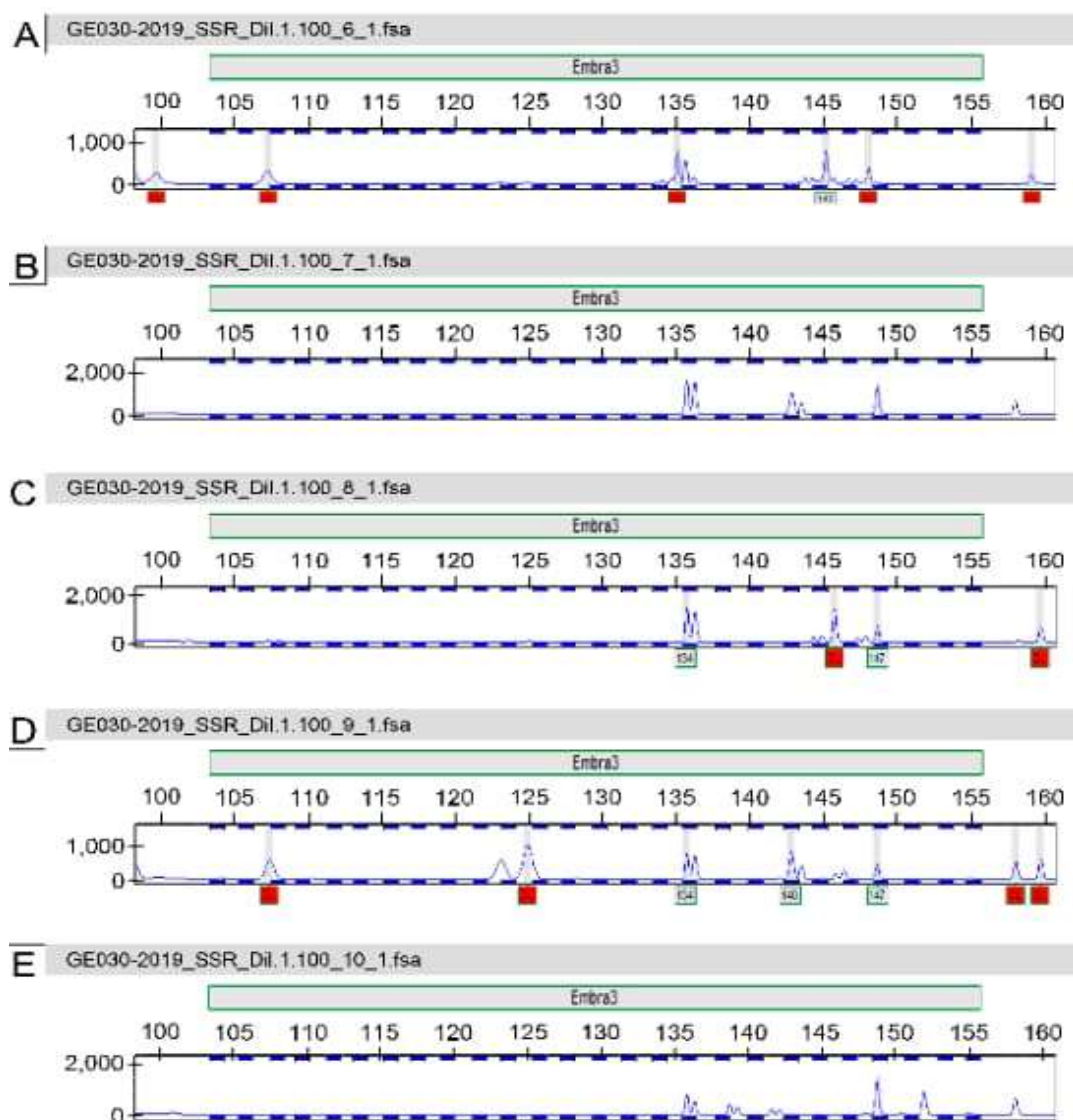


Figura N° 14: Visualización del DNA extraído de las accesiones en estudio (papa andina de la provincia de Catamarca) a través de Electroforesis en geles de agarosa (1%). Dos SSR marcados con fluoróforo FAM: SSR Stg001 y Stm1052, y cuatro marcados con HEX Sti032, Stg016, Sti012, Stg033.

Los marcadores SSR Stg001 (FAM), Stm1052 (FAM), SSR Sti032 (HEX), Stg016 (HEX), SSR Sti012 (HEX), Stg033 (HEX) aparecen en las filas como subtítulos y las letras que corresponden a las muestras de las variedades estudiadas se encuentran en la parte superior izquierda de las columnas (Figura 14).

En la electroforesis en capilar, cada uno de los fragmentos amplificados es representado como un pico, donde el secuenciador proporciona los resultados en forma de electroferograma para cada una de las muestras (Figura 15 y 16). Se observan algunos ejemplos de electroferogramas de las variedades estudiadas.



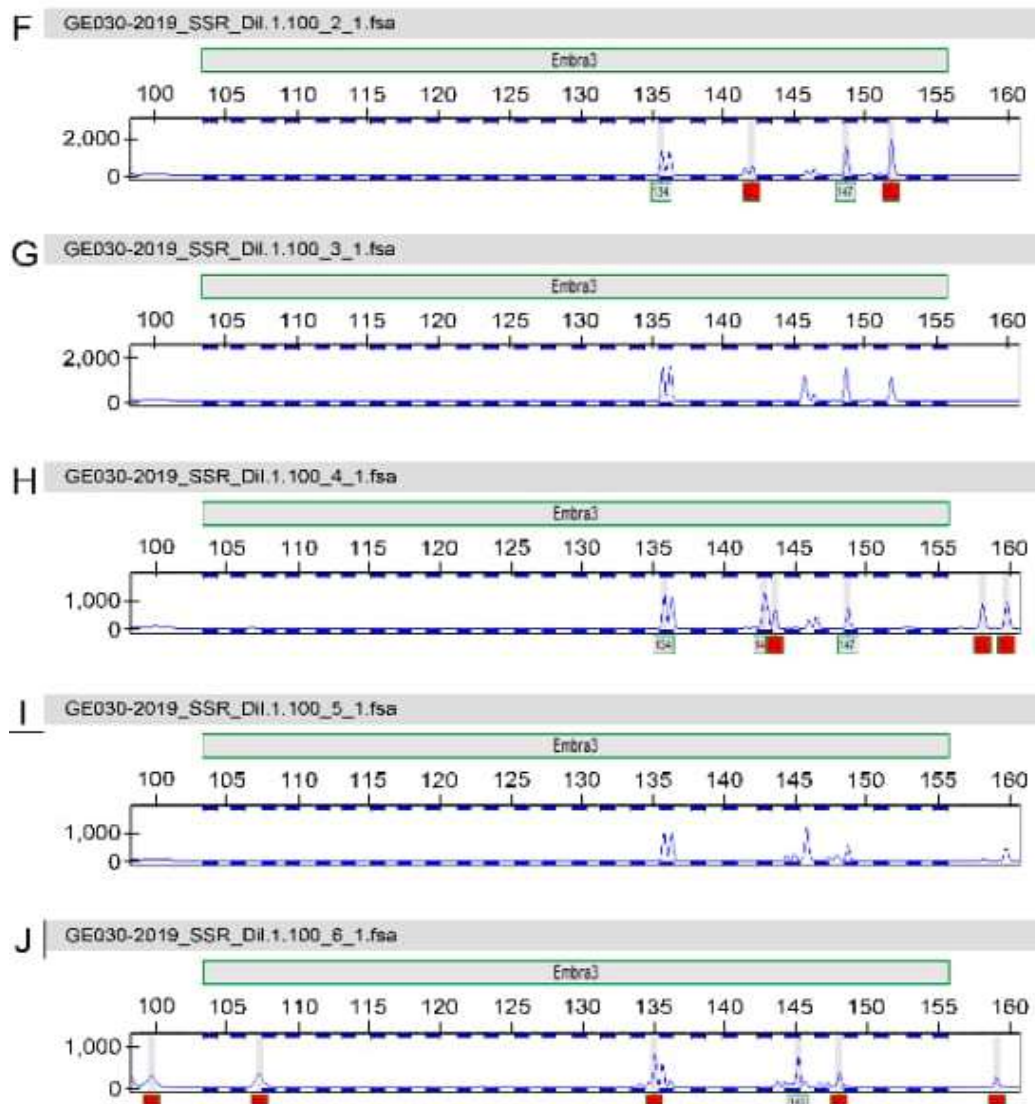


Figura N° 15: Ejemplo de electroferograma con el fluoróforo reportero FAM para las variedades de papa andina de la provincia de Catamarca. Los marcadores son barras grises horizontales y el centro de los picos indica el peso molecular del alelo, los picos que caen fuera de los marcadores del panel están marcados como OL (Off Ladder, fuera de la escalera), considerados variantes alelicas. Cada panel corresponde a una variedad: A: tuni, B: malgacha, C: cotagua morada, D: bolinca redonda, E: ojos de princesa, F: bolinca alargada, G: cotagua rosada, H: collareja, I: morada, J: cotagua morada.

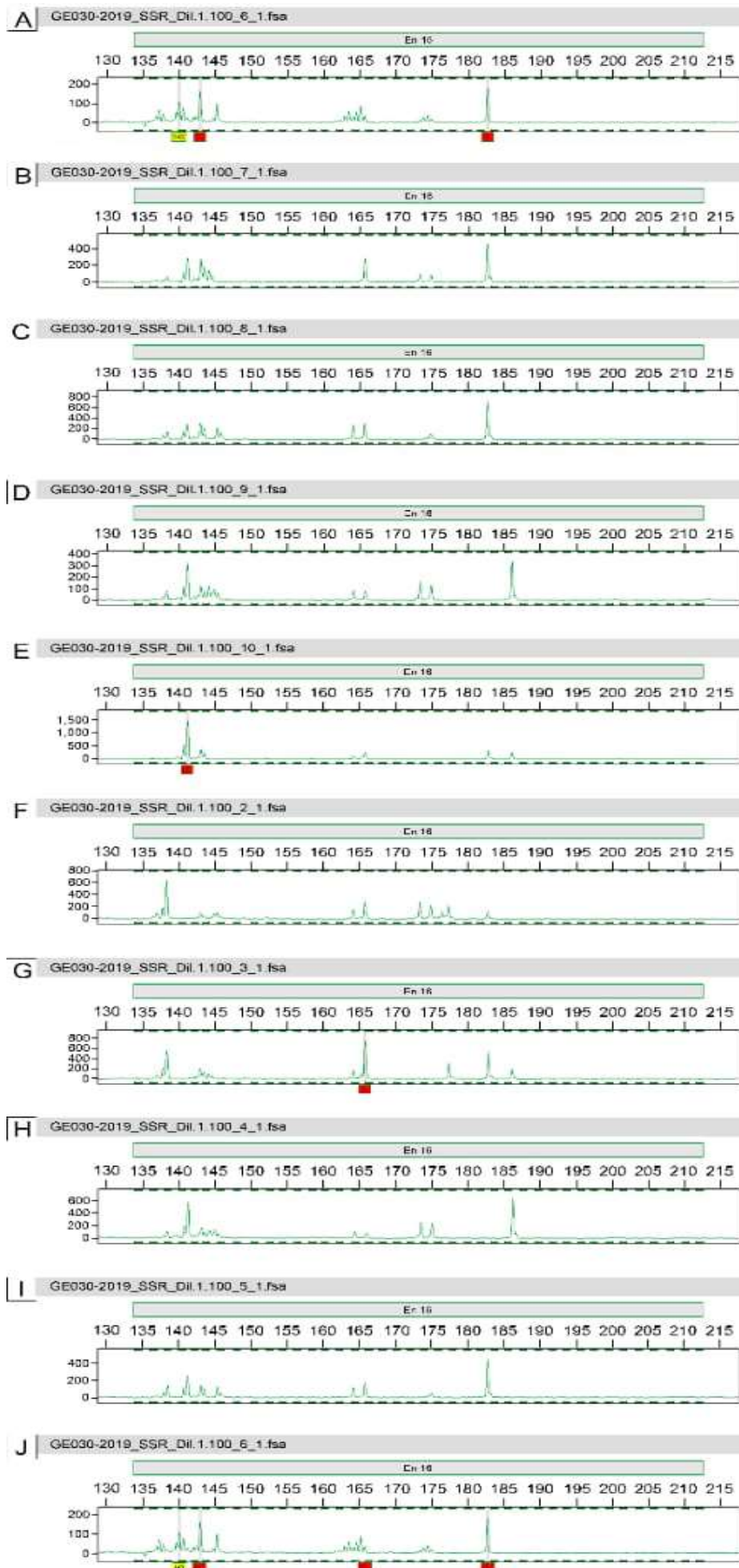


Figura N° 16: Ejemplo de electroferograma con el fluoróforo reportero HEX para las variedades de papa andina de la provincia de Catamarca. Los marcadores son barras grises horizontales y el centro de los picos indica el peso molecular del alelo, los picos que caen fuera de los marcadores del panel están marcados como OL (Off Ladder, fuera de la escalera), considerados variantes alelicas. Cada panel corresponde a una variedad: A: tuni, B: malgacha, C: cotagua morada, D: bolinca redonda, E: ojos de princesa, F: bolinca alargada, G: cotagua rosada, H: collareja, I: morada, J: cotagua morada.

Se observa que cada uno de los electroferogramas tiene su patrón genético, donde ninguno de ellos coincide, lo que muestra que son variedades distintas.

Los resultados sobre el número y el tamaño de alelos (pb) de cada variedad de papa estuvieron dentro de los rangos descriptos por el CIP (Ghislain, et al 1999).

En algunos electroferogramas hay picos que se repiten en diferentes variedades y no están en las otras, por ejemplo, Embra3 1 y 2, entre los rangos 155 y 160; lo mismo ocurre en En16, que presenta rangos entre 183 y 187, estos serían los alelos o picos mas grandes. El tamaño de los alelos encontrados en general tuvo concordancia con el reportado en la literatura por Ghislain, et al (1999), que desarrollo descriptores moleculares para la identificación de cultivares de papa andina, con tamaños de alelos entre 75 y 325 (pb). De igual manera, sucede con el número de alelos, donde se observan valores desde 3 a 29 alelos en las papas nativas estudiadas, y en este trabajo se encuentran entre 4 a 9 alelos según el electroferograma observado.

El análisis de los marcadores moleculares de las 9 muestras permitió determinar que el número de bandas totales es 30, y los patrones de bandas duplicadas fueron 7, es decir, se repitieron los mismos pesos moleculares en 7 muestras, el número de bandas monomórficas es de 4 y las bandas polimórficas representaron el 86,67%.

El valor del PIC (Contenido de información polimórfica) promedio para las accesiones evaluadas fue 0,238, con rangos de 0,178 a 0,372. Resultados de promedios más altos de PIC a los presentados en este trabajo los obtuvieron: Cadmia et al (2013) en una colección de 1.476 accesiones de seis especies de papa cultivada observó un promedio de 0,573; de Galarreta et al (2013) observaron el contenido polimórfico promedio de 0,521 en 19 variedades de papa de la Isla de la Palma, con 19 SSR, y, Muthoni et al. (2014) que identificaron valores de PIC por encima de 0,65, usando 24 marcadores SSR en *S. tuberosum*. Sin embargo, otros trabajos se asemejan a los obtenidos en el presente estudio, como los de Yujó et al (2015), que evaluaron la diversidad genética en *Solanum tuberosum*, Grupo Phureja, usando microsatélites SSRs, y obtuvieron un valor de PIC de 0,465; y el de Sánchez M.A. (2017), que presenta un promedio para las accesiones

evaluadas de 0,493. La diferencia de estos valores promedios mas altos a los que se muestran en la presente investigación puede deberse a que sus estudios evaluaron mayor número de marcadores en una mayor población de diferente origen geográfico.

En los parámetros descriptivos, se observó que el PIC de algunos marcadores estuvo por encima de 0,25 los que podrían ser altamente informativos.

1.2.3.2.1. - Estimación de la distancia entre variedades

A partir de la matriz binaria se estimó la distancia de Dice (1945) existente entre las variedades.

	Bolinca alargada	Bolinca redonda	Collarej a	Cotagua morada	Cotagua rosada	Malgacha	Morad a	Ojos de princesa
Bolinca redonda	0,62							
Collareja	0,52	0,53						
Cotagua morada	0,46	0,53	0,52					
Cotagua rosada	0,43	0,67	0,64	0,52				
Malgacha	0,49	0,56	0,32	0,50	0,55			
Morada	0,45	0,58	0,52	0,30	0,51	0,49		
Ojos de princesa	0,62	0,65	0,56	0,61	0,62	0,60	0,56	
Tuni	0,56	0,44	0,56	0,41	0,65	0,55	0,51	0,72

Tabla 31: Matriz de distancia entre las variedades de papa andina calculada con marcadores moleculares

De los datos de esta matriz de distancia se observa que los genotipos que están más cercanos son Morada y Cotagua morada (distancia= 0,30), luego el segundo grupo Malgacha y Collareja a 0,32; en el tercero Tuní y Cotagua morada a 0,41, Bolinca redonda a 0,44; en el cuarto Cotagua rosada y Bolinca alargada a 0,43 y los que están más alejados a mayor distancia=0,72 son los genotipos Tuní y Ojos de princesa.

1.2.3.2.2 - Análisis de Coordenadas Principales

Con el propósito de estudiar los componentes principales, se realizó la transformación de un conjunto de variables ordinales, en un grupo de variables no correlacionadas denominadas coordenadas principales que serán usadas como ejes, para generar un plano que permita representar las variedades.

Dicho análisis mostró que con dos coordenadas principales se explica el 51% de la variación de los datos moleculares (Tabla 32).

Lambda	Valor	Proporción	Prop Acum
1	0,33	0,28	0,28
2	0,27	0,23	0,51
3	0,2	0,17	0,68
4	0,15	0,13	0,81

Tabla 32: Eigenvalue y proporción de variancia explicada por ACoP y proporción acumulada

La CP1 explica un 27,8 % de la variabilidad total y el CP2 un 23,2%. De esta manera, con los dos primeros ejes puede explicarse un 51% de la variabilidad genética observada.

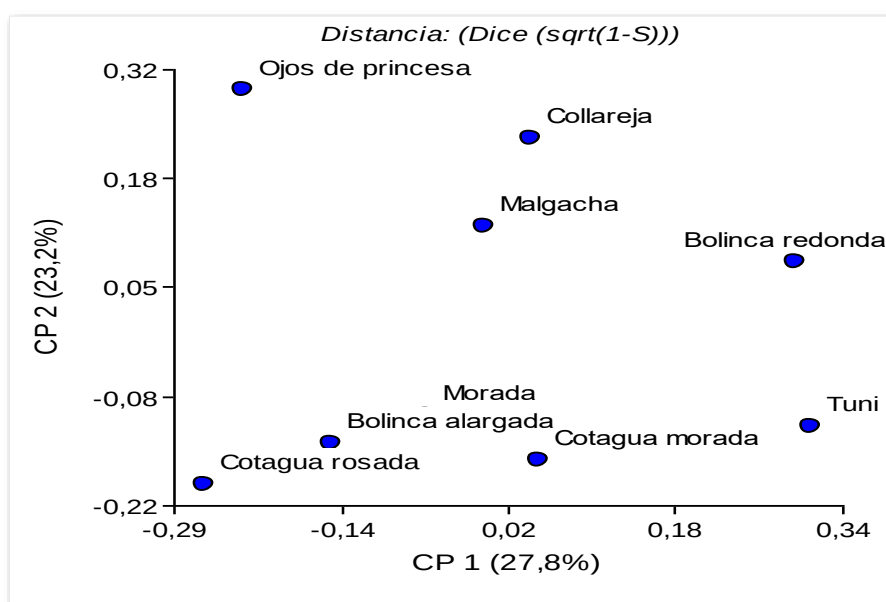


Figura 17: Distribución de las variedades en función de los dos primeros CP.

Del análisis de coordenadas principales se observa la distancia que existe entre las variedades, Ojos de princesa es la que está más alejada de Tuni, mientras que las más

cercanas en el CP1 son Collareja, Bolinca redonda y Malgacha; y en el CP2 las más cercanas son Morada, Cotagua rosada y Bolinca alargada.

1.2.3.2.3 - Análisis de Conglomerados

Con los datos de la matriz de distancia se realizó el Análisis de conglomerados, utilizando el promedio (*Average linkage*) a una distancia: (Dice ($\sqrt{1-S}$)); el valor de la correlación cofenética= 0,827 con las variables estandarizadas. Las variedades estudiadas fueron nueve, Morada, Cotagua morada, Malgacha, Collareja, Tuni, Bolinca redonda, Cotagua rosada, Bolinca alargada y Ojos de princesa.

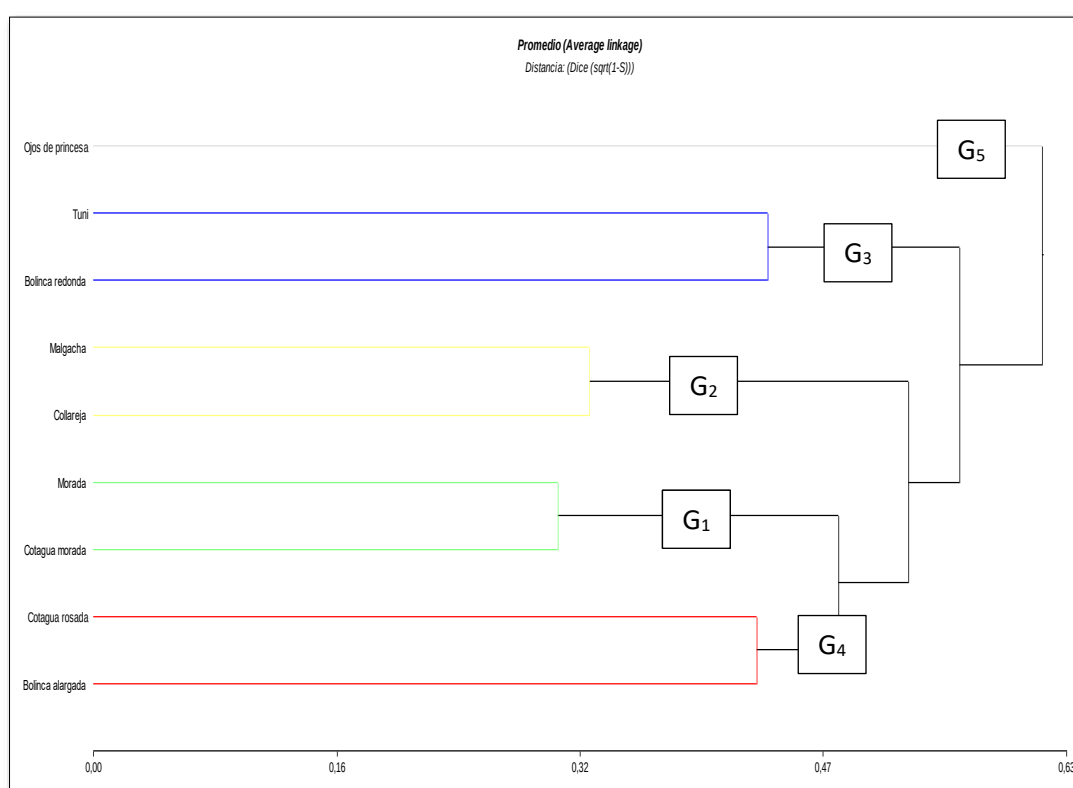


Figura 18: Dendrograma de 9 genotipos de papa *Solanum tuberosum* ssp *andígena* de la provincia de Catamarca, a través de los marcadores moleculares SSR tg001 (FAM), Stm1052 (FAM), SSR Sti032 (HEX), Stg016 (HEX), SSR Sti012 (HEX), Stg033 (HEX)

El primer grupo que se encuentran a menor distancia es Morada y Cotagua morada, en el segundo grupo están Malgacha y Collareja, en el tercero Tuni y Bolinca redonda, en el cuarto grupo Cotagua rosada y Bolinca alargada y finalmente, la más alejada Ojos de princesa.

Para interpretar los grupos formados, con características similares y observar sus semejanzas o disimilitud en las distancias entre ellos, se utilizó la matriz de distancia, basada en el índice de similitud de Dice.

CAPÍTULO 2: INTERACCIÓN GENOTIPO AMBIENTE

2.1 - MATERIALES Y MÉTODOS

Para el análisis de la interacción genotipo*ambiente se consideró cada combinación año-localidad como un ambiente diferente, obteniéndose así 6 ambientes para su evaluación. Las variables analizadas fueron Rendimiento (R), número de tubérculos (NT) y peso del tubérculo (PT).

Se utilizaron dos modelos de análisis de la IGA:

2.1.1 - Determinación de la Estabilidad a través del método de la varianza de Shukla (según el programa GEA-R Cimmyt)

Es un modelo simple donde los parámetros de estabilidad son útiles para caracterizar genotipos al mostrar su relación rendimiento en diversos entornos. Estos parámetros se calcularon con el siguiente modelo:

$$Y_{ij} = \mu + d_i + (1 + \beta_i)e_j + \delta_{ij} + \varepsilon_{ij}$$

Donde,

Y_{ij} : es el valor fenotípico promedio del i-ésimo genotipo en el j-ésimo ambiente,

μ : es la media general,

($i=1,...,t$): e_j es el efecto del i-ésimo genotipo

$1 + \beta_i$: es la regresión de Y_{ij} en e_j

δ_{ij} : es la desviación de la regresión para el i-ésimo genotipo en el j-ésimo ambiente,

ε_{ij} : es el error

En un gráfico *biplot* se representan los valores promedios de los genotipos para la variable analizada y el Coeficiente de variación (CV). Cuanto menor sea el CV mayor será la estabilidad, lo importante es que la misma esté acompañado de un elevado valor promedio de la variable.

2.1.2 - Modelo de los Efectos Aditivos Principales e Interacciones Multiplicativas (Modelo AMMI)

Este modelo toma en cuenta como efectos aditivos principales tanto al genotipo como al ambiente y la interacción (GxA) como efecto multiplicativo por medio de un análisis multivariado de componentes principales (CP) (Crossa *et al.*, 1990). El modelo que describe la respuesta media de un genotipo *i* en un ambiente *j* del análisis AMMI de (Zobel *et al.* 1988) y actualizado por (Bernardo 2002).

$$Y_{ij} = \mu + G_i + E_j + \sum_{n=1}^N \lambda_K \gamma_{IK} \delta_{JK} + e_{ij}$$

Donde:

Y_{ij} : Es la respuesta media de un genotipo *i* en un ambiente *j*.

μ : Es la media general de las observaciones.

g_i : Es el efecto del genotipo *i* (Desvío respecto al promedio general del genotipo *i*, y se estima a través de $\tilde{g}_i = \bar{Y}_{i\cdot} - \bar{Y}_{\cdot\cdot}$).

e_j : Es el efecto del ambiente *j* (Desvío respecto al promedio general del ambiente *j*, y se estima por medio de $\tilde{e}_j = \bar{Y}_{\cdot j} - \bar{Y}_{\cdot\cdot}$).

λ_k : Es el valor propio del eje *k* de componentes principales.

γ_{ik} : Son los vectores propios unitarios genotípicos asociados a λ_k .

α_{jk} : Son los vectores propios unitarios ambientales asociados a λ_k .

e_{ij} : Error del genotipo *i* en el ambiente *j*.

El modelo del Análisis de la varianza será:

F.V.	GL	E(CM)
Genotipos	(a-1)	$\sigma_e^2 + r\sigma^2 \alpha\beta\tau + br\sigma^2 \alpha\tau + cr\sigma^2 \alpha\beta + bcr\sigma^2 \alpha$
Localidad	(b-1)	$\sigma_e^2 + r\sigma^2 \alpha\beta\tau + ar\sigma^2 \beta\tau + cr\sigma^2 \alpha\beta + acr\sigma^2 \beta$
Año	(c-1)	$\sigma_e^2 + r\sigma^2 \alpha\beta\tau + ar\sigma^2 \beta\tau + br\sigma^2 \alpha\tau + abr\sigma^2 \tau$
Genotipos* Localidad	(a-1) - (b-1)	$\sigma_e^2 + r\sigma^2 \alpha\beta\tau + \chi\rho\sigma^2 \alpha\beta$
Genotipos*Año	(a-1)- (c-1)	$\sigma_e^2 + r\sigma^2 \alpha\beta\tau + \beta r\sigma^2 \alpha\tau$
Localidad *Año	(b-1)- (c-1)	$\sigma_e^2 + r\sigma^2 \alpha\beta\tau + ar\sigma^2 \beta\tau$
Genotipos*Localidad*Año	(a-1)- (b-1)- (c-1)	$\sigma_e^2 + r\sigma^2 \alpha\beta\tau$
Error		σ_e^2

Tabla 33: Modelo de Tabla de Andeva utilizada para el cálculo de la IGA

Para el análisis de los dos modelos de interacción se utilizó el paquete estadístico GEA-R (Pacheco et al., 2017).

2.2 – RESULTADOS

2.2.1 - Determinación de la Estabilidad a través del método de la varianza de estabilidad de Shulka

Para la estabilidad de los ambientes, Rodríguez et al. (2011) mencionan que los genotipos más estables se encuentran más cercanos al origen del CP1 y al alejarse de este muestran mayor interacción con el ambiente. Se basa en el análisis de la interacción GxA en g genotipos; ésta es igual a la varianza ambiental dentro más la varianza ambiental entre, para cada genotipo, corregida por efectos aditivos de ambientes. El genotipo será clasificado como estable cuando ambas variables sean iguales a cero.

Se representa en un gráfico en donde en el eje de las abscisas se ubica el valor promedio para cada una de las variables analizadas y en el eje de las ordenadas el coeficiente de variación. La línea horizontal, dentro del gráfico, corresponde al promedio de los CV y la línea vertical al promedio de los valores de número de tubérculo por planta. Se observa que si los CV son bajos implica que las variedades presentan un mayor nivel de estabilidad. Lo que se buscan son variedades en las que la estabilidad esté acompañada con un valor promedio superior.

2.2.1.1 - Número de tubérculo (NT)

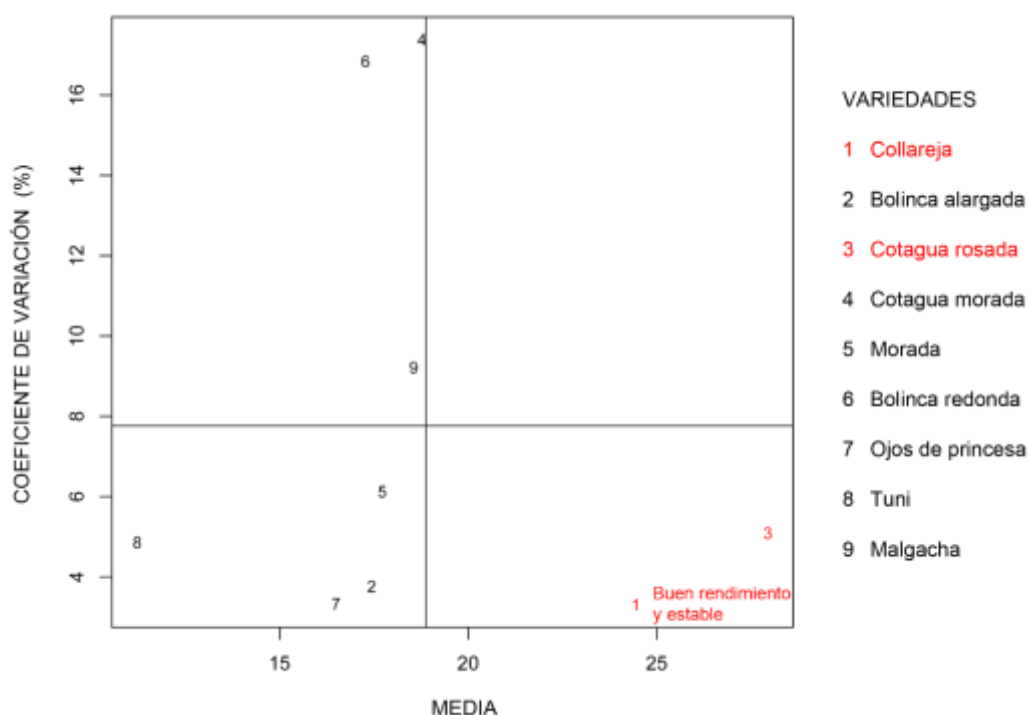


Figura 19: Representación gráfica del % del coeficiente de variación (CV) con respecto al promedio del Número de tubérculos (NT) de 9 variedades de papa andina: (1) Collareja, (2) Bolinca alargada, (3) Cotagua rosada, (4) Cotagua morada, (5) Morada, (6) Bolinca redonda, (7) Ojos de princesa, (8) Tuni, (9) Malgacha

Para número de tubérculos por planta, el genotipo 1 (Collareja), es el más estable y con mayor valor promedio, luego los genotipos más estables son, las variedades 7 (Ojos de princesa), 2 (Bolinca alargada), 3 (Cotagua rosada) y 8 (Tuni) que prestaron una menor interacción con el ambiente, pero sólo Collareja y Cotagua rosada manifestaron además un mayor número de tubérculos, estos genotipos serian los mas estables, es decir, no hay una variación significativa en ambientes diferentes. Los genotipos más inestables (con mayor % CV) son los genotipos 4 (Cotagua morada) y 6 (Bolinca redonda) y ambos con un número de tubérculos alrededor del valor promedio.

2.2.1.2 - Peso de tubérculo (PT)

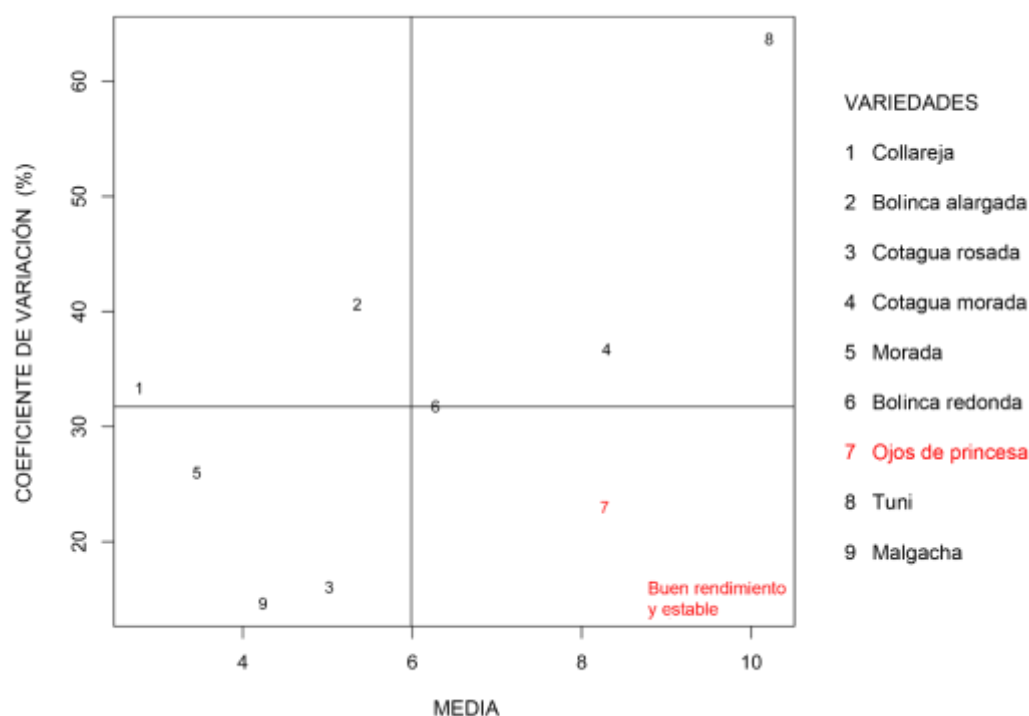


Figura 20: Representación gráfica del % del coeficiente de variación (CV) con respecto al promedio del Peso de tubérculos (PT) de 9 variedades de papa andina: (1) Collareja, (2) Bolinca alargada, (3) Cotagua rosada, (4) Cotagua morada, (5) Morada, (6) Bolinca redonda, (7) Ojos de princesa, (8) Tuni, (9) Malgacha

Para el peso de tubérculo, los genotipos más estables son el 9 (Malgacha) y el 3 (Cotagua rosada), pero presentan pesos inferiores al valor promedio. Ojos de princesa (7) es la única variedad con estabilidad y mayor peso de tubérculo. La variedad Tuni (8) presenta un peso promedio elevado pero su comportamiento es inestable.

2.2.1.3 - Rendimiento (R)

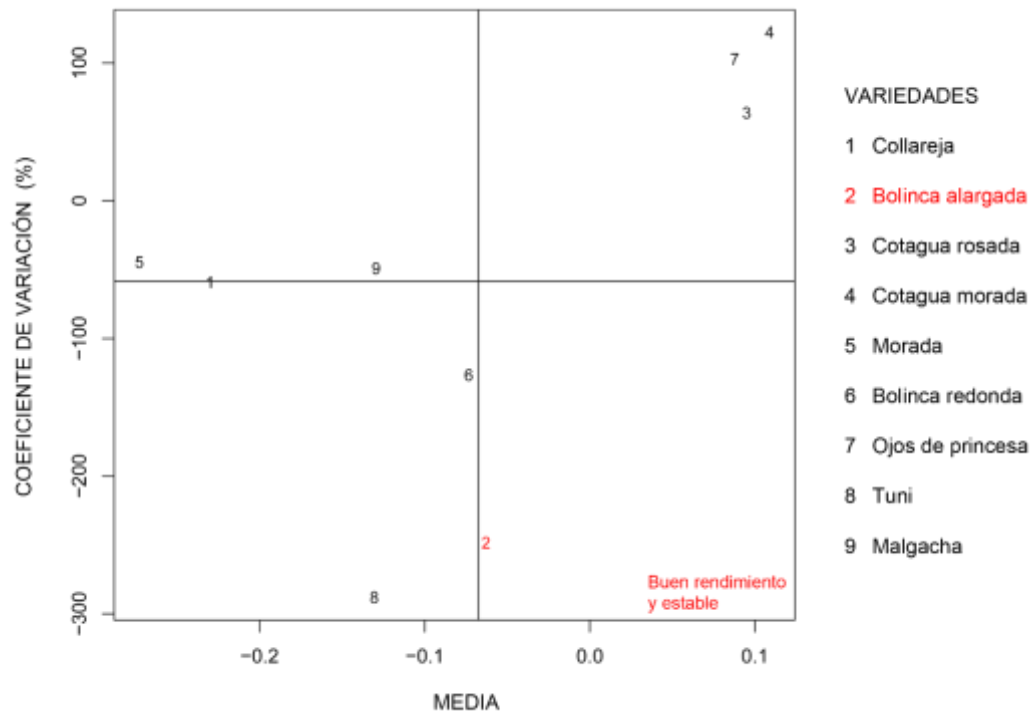


Figura 21: Representación gráfica del % del coeficiente de variación (CV) con respecto al promedio del Rendimiento (R) de 9 variedades de papa andina: (1) Collareja, (2) Bolinca alargada, (3) Cotagua rosada, (4) Cotagua morada, (5) Morada, (6) Bolinca redonda, (7) Ojos de princesa, (8) Tuni, (9) Malgacha

Para esta variable se observa que las variedades Morada (5); Tuni (8), Cotagua morada (4), presentan un elevado nivel de rendimiento y buena estabilidad, mientras que Bolinca alargada (2) es estable y con un nivel de rendimiento apenas superior al promedio. La variedad Bolinca redonda (6) es estable, pero con un rendimiento inferior. La variedad con mayor inestabilidad es Malgacha (9) pero con un rendimiento inferior al promedio.

2.2.2 - AMMI: Efecto principal aditivo y análisis de interacción multiplicativa

Los resultados del análisis AMMI se representaron en diagramas *biplots*. Los genotipos y ambientes están representados por vectores en un espacio, con puntos de inicio en el origen y puntos finales determinados por las puntuaciones.

Se realizó una prueba F de Gollob (1968), donde se utiliza la relación entre el cuadrado medio para el eje n contra una estimación del término de error que es quien determina el tipo de análisis AMMI que se realizará.

2.2.2.1- Variable número de tubérculo

En el análisis de la varianza que muestra que la interacción genotipo*ambiente es significativa ($F=163,9$; $p<0.01$), la prueba de Gollob muestra que sólo la componente principal 1 (PC1) manifiesta diferencias significativas por lo que se realiza el análisis AMMI 1.

	DF	MS	F
ENV	5	4,39	0,75
GEN	8	41,29	7,09
ENV*GEN	40	953,95	163,9**
PC1	12	2353,61	404,40***
PC2	10	591,29	101,6 ^{ns}
Residual	108	5,82	

Tabla 34: Análisis de la varianza para el número de tubérculos promedio de 9 genotipos de papa andina en 2 ambientes de la provincia de Catamarca durante los años 2016-2017-2018

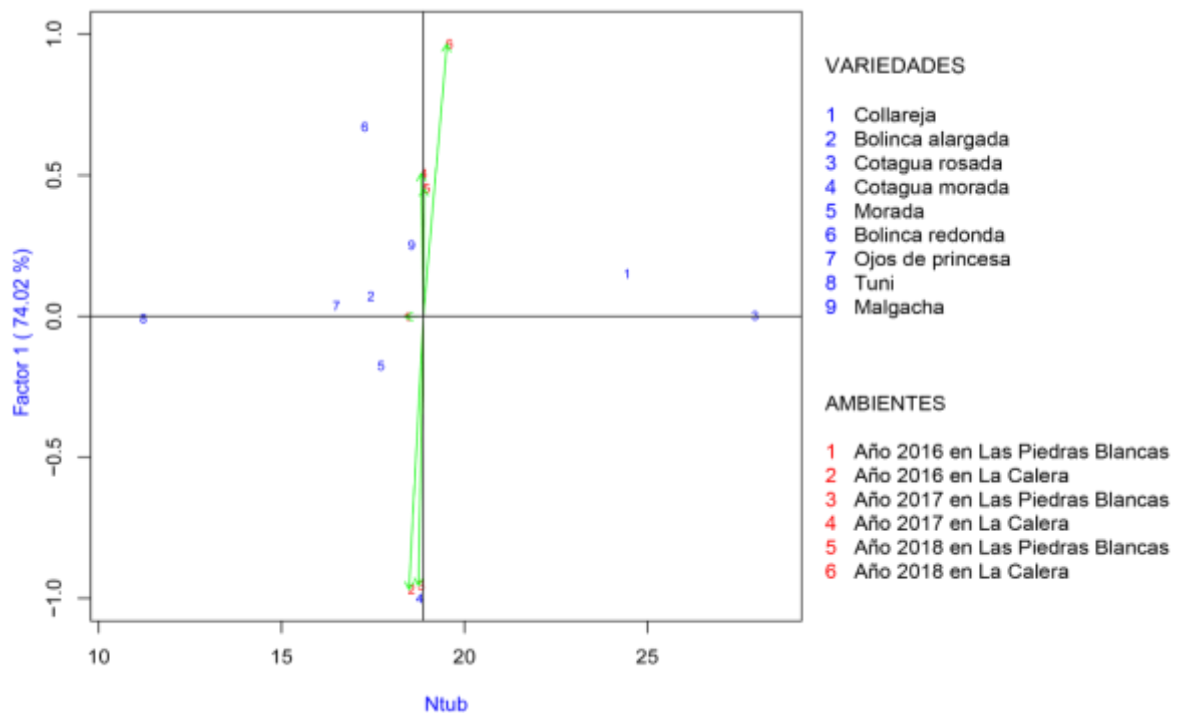


Figura 22: Representación gráfica del método multivariado AMMI de 9 genotipos de papa andina evaluados en 2 ambientes de la provincia de Catamarca durante los años 2016-2017-2018

En la figura 22, se representa en el biplot las coordenadas del CP1 de genotipos y ambientes. Se representan los genotipos con número de color azul del 1 al 9, siendo (1) Collareja, (2) Bolinca alargada, (3) Cotagua rosada, (4) Cotagua morada, (5) Morada, (6) Bolinca redonda, (7) Ojos de princesa, (8) Tuni, (9) Malgacha y los ambientes con números de color rojo. Se puede observar que los ambientes 2 (año 2016 en La Calera), 3 (año 2017 en Las Piedras Blancas) y 6 (año 2018 en La Calera) son los que permiten la mayor discriminación entre las variedades, en menor medida los hacen los ambientes 4 (2017 en La Calera) y 5 (2018 en Las Piedras Blancas) mientras que el ambiente 1 (año 2016 en Las Piedras Blancas) no permite la discriminación entre las variedades.

Las variedades más estables son los que están más cercanas a la línea central, en este caso son los genotipos 3 (Cotagua rosada), 2 (Bolinca alargada), 7 (ojos de princesa), 8 (Tuni) y 1 (Collareja) pero sólo las variedades Cotagua rosada y Collareja presentan un valor muy superior al valor promedio de las variedades. Las variedades Cotagua morada (4) y Bolinca redonda (6) se comportaron de manera inestable y con un número de tubérculos cercano al promedio.

2.2.2.2- Variable Peso de tubérculo

Al igual que la variable número de tubérculos la interacción genotipo*ambiente presentó un de F elevado ($F=327,0$; $p<0,01$). La prueba de Gollob determinó que sólo la CP1 es importante por lo que se realiza el análisis del AMMI 1, la variabilidad total explicada es de 72,9% (Tabla 33).

	Suma de Cuadrados	Porcentaje
ENV	9,88	52,30%
GEN	89,24	47,21%
ENV*GEN	89,88	47,55%
PC1	6,55	72,90%
PC2	17,53	19,5%

Tabla 35: Prueba de Gollob utilizada para obtener la variabilidad de los componentes principales para los 9 genotipos de papa andina en la variable peso de tubérculo

	DF	MS	F
ENV	5	19,77	11,85
GEN	8	11,23	6,72
ENV*GEN	40	22,25	13,32**
PC1	12	546,09	327,00**
PC2	10	1753,45	1049,97 ^{ns}
Residual	108	1,67	

Tabla 36: Análisis de la varianza para el peso de tubérculos promedio de 9 genotipos de papa andina en 2 ambientes de la provincia de Catamarca durante los años 2016-2017-2018

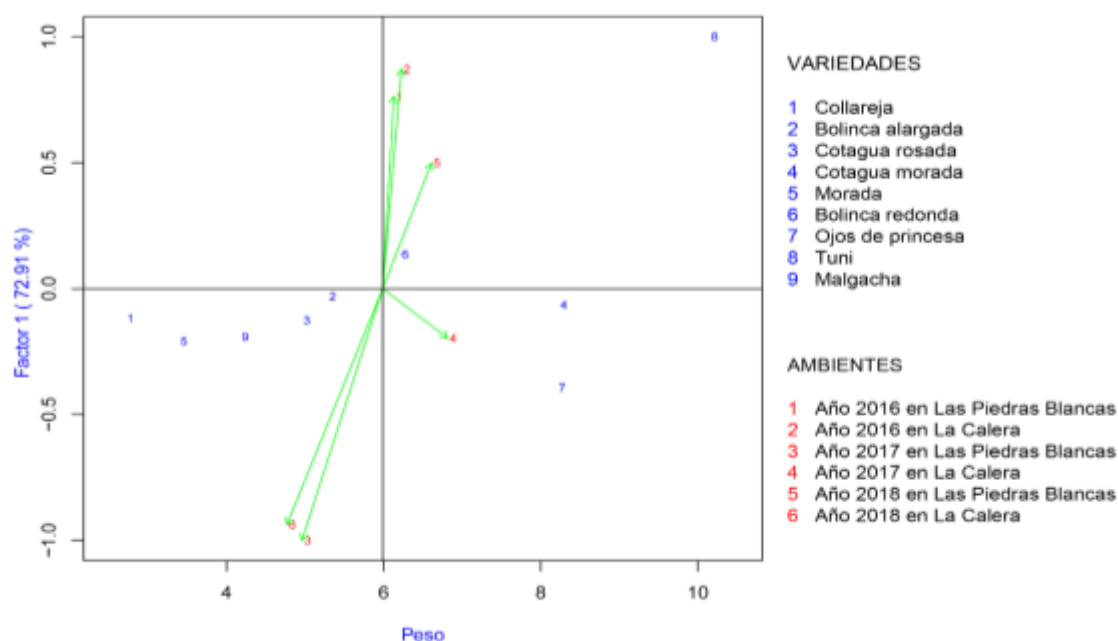


Figura N° 23: Representación gráfica del CP1 en función del valor promedio de peso de tubérculos en 9 genotipos de papa andina evaluados en 2 ambientes en los periodos 2016-2017 y 2018. Los números en rojo son ambientes y los números en azul genotipos

Los ambientes con mayor poder discriminante son los ambientes 2 (año 2016 en La Calera), 3 (año 2017 en Las Piedras Blancas) y 6 (año 2018 en La Calera) al igual que para la variable número de tubérculos. El resto de los ambientes manifiestan un menor valor discriminante.

El 78% de los genotipos manifiestan una buena estabilidad siendo sin embargo las variedades 2 (Bolinca alargada), 3 (Cotagua rosada) y 4 (Cotagua morada) son las más estables pero esta última presenta un mayor peso promedio.

2.2.2.3 - Variable Rendimiento

Del análisis de la varianza y a través de la prueba Gollobs, se muestra que sólo la componente principal 1 (PC1) manifiesta la existencia de diferencias significativas, por lo que se realiza el análisis del AMMI 1 (Tabla 35).

	DF	MS	F
ENV	5	0,078	1,48
GEN	8	0,35	6,77
ENV*GEN	40	0,28	5,60*
PC1	12	0,2	3,80*
PC2	10	0,05	0,95 ^{ns}
Residuals	108	0,0525	

Tabla 37: Análisis de la varianza para el rendimiento promedio de 9 genotipos de papa andina en 2 ambientes de la provincia de Catamarca durante los años 2016-2017-2018

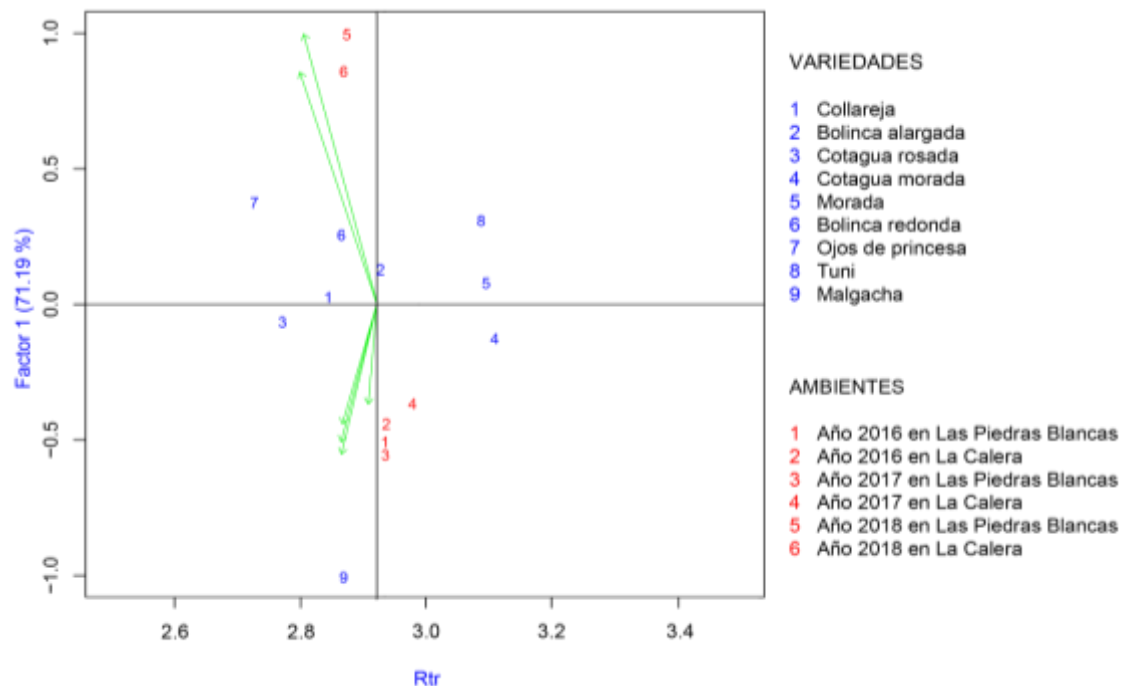


Figura N° 24: Representación gráfica del CP1 en función del valor promedio de rendimiento en 9 genotipos de papa andina evaluados en 2 ambientes en los periodos 2016-2017 y 2018. Los números en rojo son ambientes y los números en azul genotipos

Los ambientes correspondientes al año 2018 tanto en Las Piedras Blancas (5) como en La Calera (6) son ambientes discriminantes, haciéndolo en menor medida el resto de ellos.

Los genotipos más estables son 4 (Cotagua morada) y 5 (Morada) seguidos por Tuní (8) con buen rendimiento, pero algo menos estable La variedad Malgacha (9) se comporta como altamente inestable.

CAPÍTULO 3 - SELECCIÓN DE PROGENITORES A HIBRIDAR

3.1 - MATERIAL Y MÉTODOS

A partir de los análisis de la variabilidad existente en la colección de trabajo conformada por las 9 variedades de papa andina, se plantearon tres estrategias de cruzamientos y se seleccionaron, en base a cada una de ellas, aquellas variedades con mayor aptitud para ser usadas como progenitoras.

Las estrategias utilizadas fueron:

3.1.1 - Estrategia 1

Cruzamientos entre variedades con la mayor distancia genética posible para generar una población segregante (F_1) con alta variabilidad.

En función de los valores fenotípicos de todas las características morfo-agronómicas, así como la caracterización molecular, se estimaron las distancias de Gower (Gower, 1971) y se obtuvo una matriz de distancias entre las variedades a fin de identificar aquellas más distantes. Para este fin se utilizó el programa InfoStat (Di Rienzo et al. 2015).

La distancia de Gower se utiliza en el caso de variables mixtas. En esta situación cada variedad está caracterizada por p_1 variables continuas y p_2 variables binarias. Se define el coeficiente de similitud de Gower entre las accesiones i y j de la siguiente manera:

$$s_{ij} = \frac{\sum_{l=1}^p s_{ijl}}{\sum_{l=1}^p m_{ijl}}$$

donde $p = p_1 + p_2$, $s_{ijl} = 1 - |z_{il} - z_{jl}| / R_l$; siendo R_l el rango de la l -ésima variable continua; $s_{ijl} = 1$ en el caso de coincidencia del tipo presencia-presencia para la l -ésima variable binaria; y m_{ijl} siempre toma el valor 1 salvo en las p_2 variables binarias en que toma el valor 0 ante una coincidencia del tipo ausencia-ausencia. A partir de este coeficiente de similitud (s_{ij}) se define la distancia de Gower entre las accesiones i y j como $\delta_{ij} = [2(1 - s_{ij})]^{1/2}$.

3.1.2 - Estrategia 2

Cruzamiento entre variedades sólo con características deseables para obtener una F_1 con variabilidad, pero con una alta frecuencia de alelos favorables.

3.1.3 - Estrategia 3

Cruzamientos complementarios entre variedades con alguna característica deseable para derivar una F_1 con variabilidad pero que incluya genotipos que reúnan dichas características.

3.2 – RESULTADOS

3.2.1 - Estrategia 1

Las distancias de Gower entre variedades tuvieron un valor máximo de 0,81 entre Tuni y Ojos de Princesa y un valor mínimo de 0,37 entre Malgacha y Collareja (Tabla 38).

Los datos calculados con las distancias de Gower usando tanto los valores fenotípicos como los datos de los marcadores moleculares coinciden con los obtenidos mediante la distancia de Dice para marcadores moleculares ya que las variedades Tuni y Ojos de Princesa fueron las más distantes en ambos casos.

Con una distancia muy similar (0,77) pueden elegirse también como variedades distantes Cotagua Rosada y Bolinca redonda como así también Tuni con Collareja o con Cotagua rosada.

En la Tabla 38 pueden observarse las distancias de Gower entre las variedades estudiadas

	Bolinca alargada	Bolinca redonda	Collareja	Cotagua morada	Cotagua rosada	Malgacha	Morada	Ojos de princesa
Bolinca redonda	0,69							
Collareja	0,57	0,64						
Cotagua morada	0,55	0,67	0,63					
Cotagua rosada	0,43	0,77	0,62	0,56				
Malgacha	0,52	0,64	0,37	0,58	0,55			
Morada	0,51	0,69	0,54	0,43	0,52	0,51		
Ojos de princesa	0,62	0,76	0,60	0,66	0,61	0,60	0,60	
Tuni	0,68	0,56	0,73	0,59	0,75	0,68	0,68	0,81

Tabla 38: Matriz de distancias y similitud entre los 9 genotipos de papa andina obtenidas a partir del coeficiente de distancia de Gower

3.2.2 - Estrategia 2

Esta estrategia busca hibridar materiales que reúnan las características deseadas. Para seleccionar los progenitores a hibridar teniendo en cuenta esta estrategia se debe primero definir cuáles son los caracteres favorables desde el punto de vista de la producción y la comercialización.

En el caso de la papa andina se busca no sólo el nivel de rendimiento, sino que su mercado es para comidas tipo *gourmet* que generan para el productor un precio superior.

Para ello es necesario definir el ideotipo a producir (Khush 2005). En este trabajo se establece como ideotipo una variedad de buen potencial de rendimiento y con características adecuadas para el mercado *gourmet* definida principalmente por el peso de tubérculo. Este, para poder cumplir con las expectativas de la cocina Gourmet, debería fluctuar entre 11 a 50 gramos.

Según este criterio, las hibridaciones deberían efectuarse entre las variedades Bolinca redonda, Ojos de Princesa, Tuni y Cotagua morada. Esta última cumple con los dos requisitos establecidos, es decir, buen rendimiento y adecuado peso de tubérculo. Tanto Bolinca redonda, Ojos de princesa y Tuni tienen un peso correcto pero un rendimiento inferior.

3.2.3 - Estrategia 3

Esta estrategia se basa en la realización de cruzamientos complementarios entre variedades con alguna característica deseable con el objetivo de lograr segregaciones que combinen ambos tipos de características.

Para la selección se tuvieron en cuenta los valores promedios presentados por cada variedad.

Según este criterio se seleccionarían las variedades Cotagua rosada y Cotagua morada por manifestar un elevado potencial de rendimiento e hibridarlas con las variedades Bolinca alargada o Bolinca redonda que presentan un peso de tubérculo adecuado.

DISCUSIÓN

El presente trabajo de tesis tiene como objetivo caracterizar variedades de papa andina cultivada de la provincia de Catamarca y evaluar la variabilidad en caracteres de interés agronómico a fin de seleccionar materiales genéticos que puedan ser utilizados en un programa de mejoramiento. La papa andina posee una diversidad genética útil para producir variedades de cultivos con tolerancia a la sequía, al calor y al frío, alta calidad nutricional y resistencia a plagas y enfermedades, características estas que las hace componentes esenciales de los recursos genéticos para la alimentación y la agricultura, contribuyendo a abordar la productividad y sostenibilidad de los sistemas agrícolas (Kozub et al., 2019). Este trabajo es una continuación de los estudios realizados, entre otros investigadores, por Hawkes y Hjerting (1969) quienes encontraron que *Solanum tuberosum* ssp *andigena* se encuentra ampliamente distribuida en Sudamérica, siendo la región de mayor diversidad Perú y Bolivia, en Argentina se encuentra principalmente en las provincias de Salta y Jujuy y es menor en Catamarca y las caracterizaron por su resistencia a factores bióticos y abióticos; también Spooner y Clausen (1993) realizaron una expedición conjunta de Argentina y Estados Unidos estudiando papas silvestres (*Solanum* secc. *Petota*), en Argentina recolectaron tubérculos y semillas y; finalmente, Pulido et al., (2016) y Contrera et al., (2021) caracterizaron materiales de la provincia de Catamarca mediante caracteres de tipo cualitativos incluyendo forma y color de tubérculo. Okada (1976) confeccionó una lista de sitios prioritarios de recolección de papa en Argentina y enumeró 14 áreas que necesitan exploración, citando varias provincias, entre las cuales se ubica Catamarca, con los departamentos Santa María, Antofagasta de la Sierra, Ancasti y Ambato. Además, se sugieren nuevas áreas de exploración como las vertientes orientales de los Nevados del Aconquija, departamento Andalgalá, provincia de Catamarca (Spooner et al., 1993).

Distintos estudios sobre la capacidad de tuberización de la papa andina han sido realizados por Hawkes, (1990), Huamán y Spooner, (2002); Spooner et al., (2007) Rodríguez (2010b) quienes encontraron que la misma se cultiva a lo largo de los Andes en alturas que varían entre 2.000 y 4.000 msnm, y forman tubérculos bajo condiciones de día corto. Clausen et al., (2010) sostienen que la papa posee un área de cultivo más restringida en tierras altas de los Andes, a elevaciones de 2500-4300 msnm, sin embargo en este trabajo se ha demostrado que se puede producir a alturas inferiores tal como lo

demuestran los datos productivos de la localidad de La Calera ubicada a 1.347 msnm bajo condiciones de manejo adecuado.

En los últimos años, la papa andina, ha recorrido un nuevo camino hacia los mercados industriales y en la denominada cocina *gourmet*, gracias a sus colores, formas vistosas, diferentes texturas y a su valor nutritivo, lo que llevó a lograr precios considerablemente superiores a los de las papas comerciales (Devaux y Thiele, 2005). Es así como la papa andina cultivada se convirtió en un producto de gran potencial para el desarrollo económico y social de los pequeños productores y comunidades andinas. Por lo cual incentivar el cultivo, uso y el agregado de valor a la producción, constituyen una estrategia de importancia para las poblaciones andinas de nuestra provincia y provincias vecinas, como así también brindar la posibilidad de consumir un alimento sano y de producción orgánica (Pulido et al., 2016).

Conocer la variabilidad genética de las variedades locales de papa andina e identificar caracteres de interés, mediante la caracterización y evaluación es una tarea prioritaria para cualquier programa de mejoramiento. A tal fin, el primer criterio que se utilizó en este trabajo como medida de la variabilidad fue el uso del coeficiente de variación. Para su análisis se tuvo en cuenta la clasificación propuesta por Kosev et al., (2012) quienes plantean que los CV se consideran bajos si son inferiores al 10 %, intermedios cuando los valores oscilan entre 10 y 20 % y elevados si resultaron mayores al 20 %. Se observó gran variabilidad para todos los caracteres, con valores del coeficiente de variación altos para la mayoría de las variables incluidas el peso de tubérculo y el largo del mismo que son considerados componentes principales del rendimiento. Los datos presentados en la Tabla 4, 5 y 6 muestran que los CV para las diferentes variables y variedades fueron elevados ya que en general presentaron valores iguales o superiores al 20% independientemente de la localidad (Tabla 7). Si analizamos por localidad, Las Piedras Blancas muestra en general un CV ligeramente superior a la localidad de La Calera para las variables NT, PT, AP y R. Teniendo en cuenta los años de evaluación (Tabla 8), la campaña 2016 mostró valores superiores para LT, AP y R, la campaña 2017 lo fue para PT y la tercera campaña, 2018, lo fue para la variable NR. De todas formas, los valores se encuentran en el mismo orden de magnitud. Los mayores valores se encontraron para PT con un CV mayor a 60% en todas las localidades y años estudiados, lo cual resulta de interés para su explotación en el programa de mejoramiento genético de la papa andina, ya que si no existiese variación la selección sería imposible, donde cumplen un papel importante las

estimaciones de la variación genética, el coeficiente de variación genética y la heredabilidad, permiten determinar la importancia relativa de la variabilidad genética de los caracteres y fundamentan los métodos de mejoramiento (Barriga et al., 1983).

En el caso de la papa andina, como sucede también en diferentes cultivos, el rendimiento está determinado por distintos componentes. Diversos autores han puesto de manifiesto que los principales componentes del rendimiento en la papa andina son el número de tubérculos y su peso promedio (Arslan, 2007; Grados et al., 2020; Alvarez-Morezuelas, 2022). La expresión de muchos caracteres, generalmente aquellos de tipo cuantitativo, a menudo cambian a medida que cambia el material genético y el entorno o ambiente de producción. Por lo tanto, la información de las asociaciones de los caracteres entre sí y con el rendimiento permitirá determinar el tipo de selección a aplicar durante el proceso de mejoramiento. El coeficiente de correlación mide la magnitud de la relación entre varios caracteres de la planta y determina el carácter del componente en el que se puede basar la selección para mejorar el rendimiento de los tubérculos de papa. La magnitud de este tipo de correlación puede deberse a pleiotropía (un solo gen afecta simultáneamente a diferentes vías metabólicas) o ser el reflejo de un ligamiento genético. Las correlaciones pueden ser utilizadas para realizar selección indirecta para una característica a través de otra más fácil de medir o de mayor heredabilidad; para estimar el cambio que se produce cuando se realiza selección en una característica sobre las otras asociadas y para desarrollar índices de selección simultánea para varios caracteres (Falconer, 1960).

Hooker (1986) demostró que el rendimiento estuvo correlacionado positivamente con el PT mientras que el NT se correlacionó negativamente con el peso del tubérculo determinando así que el peso del tubérculo era el carácter determinante del rendimiento. Sin embargo, Lynch et al., (2001) postulan que una parte considerable del aumento en los rendimiento está ligada a un mayor número de tubérculos, independientemente de su tamaño. Cabello et al., (2014) demostraron que el número de tubérculos y su peso promedio predicen el rendimiento en cultivos bajo condiciones de riego. Sin embargo, en tratamiento de sequía, el número de tubérculos fue un mal predictor del rendimiento de tubérculos y Ávila-Valdés et al., (2020) encontraron que el rendimiento de tubérculos de los genotipos nativos y comerciales estudiados se correlacionó positivamente con el peso promedio del tubérculo y a su vez y observaron una correlación positiva del rendimiento del tubérculo con el número de tubérculos. En nuestro caso el peso del tubérculo demostró una elevada correlación con el rendimiento ($r=0,75$) (Tabla 24) lo que implica que puede utilizarse como indicador del mismo mientras que el número de tubérculos no se

correlacionó con el rendimiento ya que los valores de correlación entre NT y R fueron inferiores a 0,15.

Los datos proporcionados por el ANDEVA, muestra que las variedades se diferenciaron significativamente para NT (Tabla 10) ya que Cotagua rosada y Collareja presentaron valores elevados (27,94 y 24,4; respectivamente) mientras que Tuni presentó el menor valor (NT=11,22) (Tabla 11) y el análisis de correlación de Pearson muestra que NT y PT están correlacionadas negativamente lo que implica que a mayor número de tubérculos el peso de los mismos es menor. De hecho, la variedad Tuni presenta el mayor PT y el menor NT. Hay autores que plantean que los aumentos en el número de tallos también disminuyen el peso promedio de los tubérculos (Wurr, 1974; Iritani et al., 1983), pero aumentan el número de tubérculos producidos por unidad de área o por planta (Gray, 1972; Thompson y Taylor, 1974; Silva y Andrew, 1985). Zheng et al., (2016) revelaron que el número efectivo de plantas se asoció positivamente con el rendimiento, mientras que el número de tubérculos y los valores de peso se asociaron negativamente y que dependiendo de la época de cultivo (otoño o primavera) se modificaban las correlaciones. Para papas de otoño no encontraron correlaciones significativas entre el peso del tubérculo y el rendimiento mientras que, para papas de primavera, la contribución del peso fue mayor que la del número de tubérculos. En nuestro caso el número de ramificaciones no tuvo ninguna incidencia sobre el rendimiento o sus componentes.

Para determinar el esquema de mejora más apropiado para estos caracteres es importante conocer la contribución relativa del componente genético a la variación total del mismo. El parámetro que se utiliza para medir la proporción de la varianza fenotípica de un carácter cuantitativo debida exclusivamente a los efectos genéticos es la heredabilidad en sentido amplio (Kearsey y Pooni, 1996). La heredabilidad no es una propiedad intrínseca de un carácter, sino que depende de la población y de las condiciones ambientales a las que están sujetos los individuos. La estimación de este parámetro incide en la ganancia genética a lograr a través del mejoramiento (Cabello et al., 2014). Previo al cálculo de la heredabilidad se efectuaron los ANDEVA que demostraron la existencia de diferencias altamente significativas para la mayoría de las variables evaluadas excepto para el largo del tubérculo permitiendo a través de las pruebas de comparación de valores promedios, identificar el comportamiento de cada variedad de papa andina para cada carácter (Tablas 10 a 23).

Los valores de heredabilidad se calcularon de las variancias genéticas y fenotípicas obtenidas a partir de los análisis de variancia. Los mismos se basan en la varianza genotípica y por tanto mide en qué medida la varianza fenotípica está determinada por la varianza genotípica, es decir, incluye los efectos de la varianza por dominancia y de la varianza epistática. Se obtuvieron altos valores de heredabilidad para la mayoría de los caracteres, NR ($H^2 = 0,82$), AP ($H^2 = 0,78$), mientras que los valores intermedios solo se encontraron para PT ($H^2 = 0,45$) y R ($H^2 = 0,40$) (Figura 11).

Diversos valores de heredabilidad fueron encontrados por diferentes autores. Thompson et al., (1983) encontraron un valor de 0,58 para el número de tubérculos por planta mientras que Thompson y Mendoza (1984) y Zúñiga (1989) presentaron valores de 0,62 y 0,64 respectivamente y Salas (2007) encontró un valor de 0,38. En este trabajo los valores hallados fueron superiores (NT = 0,82). Para la variable PT, Thompson, et al., (1984) hallaron valores de 0,61; Mendoza (1984) valores de 0,62, Zúñiga (1989) un valor de 0,52 y Salas (2007) encontró valores cercanos a 0,51. Los valores hallados en este trabajo fue inferior (PT = 0,45).

Teniendo en cuenta la variable R, su valor de heredabilidad fue $H^2 = 0,40$ similar al valor de PT lo cual es lógico considerando que esta es una variable relacionada con el rendimiento. Thompson et al. (1984), Hernández (1989) y Zúñiga (1989) encontraron valores cercanos a 0,48 mientras que Huanco, (1990), Marca (1991) y Anguiz (1993) hallaron valores de 0,29, 0,16 y 0,14, respectivamente y Salas (2007) halló valores de 0,57. Estas estimaciones pueden ayudar a los investigadores a determinar estrategias apropiadas para el mejoramiento de cultivos (Sharma et al., 2003). Según Slight (2005), la heredabilidad se puede clasificar como baja si el valor obtenido es inferior o igual a 0,20 ($H^2 < 0,20$), media o moderada si los valores fluctúan entre 0,20 y 0,50 ($0,20 < H^2 < 0,50$) y alta si los valores obtenidos son superiores a 0,50 ($H^2 > 0,50$). Estos valores fluctuantes existen ya que la heredabilidad es una medida propia de los materiales y entornos ambientales en los que se evalúa. Rosielle y Hamblin (1981), Blum (1988) y Bolaños y Edmeades (1996) observaron que la heredabilidad (en su caso en sentido estricto) se reducía drásticamente cuando los genotipos de papa se sometieron a sequía lo que confirma la observación general de que la heredabilidad del rendimiento disminuye drásticamente bajo condiciones de estrés hídrico.

Una vez establecida la existencia de variabilidad para los caracteres cuantitativos, se siguieron dos pasos, el primero fue el cálculo de los índices de similitud o de disimilitud entre pares de variedades, y el segundo fue la exploración de las variables mediante un análisis de componentes principales (ACP) y la aplicación del método de aglomeración adecuado.

A partir de los datos morfo-agronómicos se calculó la distancia Euclídea existente entre las variedades (Tabla 27). Los menores valores de distancia se establecieron entre Bolinca alargada y Bolinca redonda (1,23) y entre Morada y Collareja (1,65) mientras que los mayores valores de distancia se establecieron entre Tuni y Collareja y entre Cotagua rosada y Morada. Cuando menor es el valor de distancia implica que las variedades intervinientes, tienen muchas características en común a diferencia de cuando la distancia es mayor que implica que las variedades son muy diferentes.

Al efectuarse el ACP para reducir la dimensionalidad de un grupo de datos se determinaron las variables que permitieron una mayor discriminación o diferenciación entre las diferentes variedades de papa andina. El número adecuado de Componentes Principales (CP) a considerar, se determinó en función de la proporción de la variación explicada por cada CP, la variancia total acumulada. Con dos CP se pudo explicar el 79% de la variación total existente (Tabla 28). Resultados similares a éstos fueron obtenidos Estévez et al., (1998) y González (1998), donde las dos primeras componentes extrajeron más del 60% de la varianza total. La importancia de cada variable en su CP se muestra en las tablas (Tabla 29). La interpretación visual de los resultados se obtuvo mediante la construcción de un gráfico bidimensional, usando como ejes a las dos primeras componentes principales (CP1 y CP2).

La Figura 12 construida en función de las CP muestra la distribución de las variedades y su asociación con los caracteres evaluados. Es de destacar, por ejemplo, las variedades Tuni y Ojos de princesa quedan asociados al LT y al PT, Cotagua rosada al NT y Cotagua morada al R.

Con el objetivo de ordenar dicha variabilidad y establecer grupos de variedades similares se utilizó el análisis de variables múltiples o análisis multivariado (Crossa et al., 1995), pudiendo así, en función de datos de caracteres agro-morfológicos, construir un dendrograma y agrupar las variedades usando el método de conglomerados (Figura 13). Esta metodología permitió agrupar las variedades en 5 grupos (Tabla 30). El G₁ se

construyó con las variedades Ojos de princesa, Malgacha, Bolinca alargada y Bolinca redonda, el G₂ Morada y Collareja, el G₃ conformado por Cotagua morada, el G₄ por Cotagua rosada y el G₅ constituido por Tuni. El G₁ no manifiesta ninguna característica sobresaliente ya que presentó valores intermedios para todas las variables analizadas. El G₃ se destaca por su buen rendimiento y altura de planta, el G₄ tiene un buen número de tubérculo y rendimiento, y el G₅ manifiesta un elevado peso de los tubérculos. Con esta clasificación será posible la selección de las mejores variedades a hibridar para el plan de mejora de esta especie a fin de lograr nuevos materiales con características superiores que puedan distribuirse entre los productores de este tipo de papa. Otro criterio que debería tenerse en cuenta en la selección de las variedades está determinado por los requerimientos del mercado.

Teniendo en cuenta los valores de heredabilidad, es posible establecer criterios que puedan utilizar para la selección de los progenitores. De acuerdo a Mendoza (2008) si la heredabilidad presenta valores medios o bajos se empleará como criterio la aptitud combinatoria general y si los valores son elevados los progenitores podrán ser seleccionados en función de su valor fenotípico. En nuestro caso los valores hallados son o intermedios o elevados por lo cual podrían ser seleccionados en función del primer criterio para los caracteres con valores de heredabilidad medios (peso de tubérculos y rendimiento) y, el segundo criterios para los caracteres con mayor valor de heredabilidad (número de tubérculos, número de ramificaciones y altura de planta). Sin embargo, como se mencionó con anterioridad, los caracteres cuantitativos están sujetos al entorno de evaluación por ello el uso de los marcadores moleculares es una herramienta útil para independizarse de las condiciones ambientales. Hoy en día, los marcadores moleculares se utilizan para el manejo de germoplasma para abordar la identificación genética, la redundancia y la variación genética. Entre los marcadores de DNA, las repeticiones de secuencia simple (SSR) o microsatélites proporcionan un excelente sistema de marcadores para discriminar genotipos estrechamente relacionados. Debido a su herencia codominante, su robustez, capacidad de alto rendimiento y capacidad para detectar variaciones alélicas en el genoma, se han convertido en una de las herramientas preferidas por los mejoradores. Se han utilizado ampliamente en papa para analizar la diversidad genética (Spooner et al., 2007; Ispizúa et al., 2007; Gavrilenko et al., 2010; Lung'aho et al., 2011; Galarreta et al., 2011), para la construcción de una colección núcleo (Ghislain et al., 2006), para la identificación de colecciones duplicadas (Del Rio et al., 2006).

Ghislain et al., (2009) desarrollaron el Kit de identidad genética de papa (PGI) para la caracterización molecular en este cultivo.

El uso de los SSR permitió la genotipificación de las nueve variedades de papa andinas de la provincia de Catamarca. Para ello se calcularon los contenidos de información polimórfica (PICs) con valores que fluctuaron entre 0,18 - 0,37, siendo relativamente bajos comparados con los encontrados por Moteros-Altamirano et al., (2017) en papas ecuatorianas con valores de PIC fluctuantes entre 0,80 y 0,93 o los hallados por Spanoghe et al., (2022) con valores oscilantes entre 0,346 (STG0006) a 0,834 (STI0036), con un valor medio de 0,734. Favoretto et al., (2011) muestran valores de 0.13 a 0.86, con un valor promedio de 0.54 o más bajos de 0.12 a 0.70 como los hallados por Salimi et al., (2016). Por su parte Marcucci Poltri (1998) trabajando en citotipos de papas diploides y poliploides encontró valores de PIC = 0,435 para los citotipos poliploides siendo superior este valor para los diploides (0,72).

Con respecto al número de fragmentos acotados de DNA se determinó la presencia de 30 bandas totales con un porcentaje de bandas polimórficas del 86,67%. Los índices de polimorfismo fueron superiores al 50% para todas las combinaciones, lo cual evidencia la elevada variabilidad presente en el germoplasma de la papa estudiada de la provincia de Catamarca. Estos datos son coincidentes con los encontrados por Provan et al., (1996) y Milbourne et al., (1998) trabajando con marcadores SSR, Ghislain et al., (1999) utilizando marcadores RAPD, y MacGregor (2002b); Del Rio et al., (2006) y Solano et al., (2007) con AFLP quienes mostraron que la papa andina posee una amplia base genética a nivel molecular.

Los perfiles moleculares hallados (Figura 18) demostraron la ausencia de materiales genéticos repetidos. En función de los datos moleculares se pudo construir una matriz de distancia entre las variedades que mostró que las variedades más alejadas genéticamente fueron Tuni y Ojos de princesa y el menor valor entre las variedades Morada y Cotagua morada (Tabla 26). Kujal et al., (2005) trabajando también en *S. tuberosum* subsp. *andigena* obtuvieron valores de distancia entre 0,52 y 0,86 analizando 31 materiales tetraploides.

Para comprender mejor las relaciones entre las accesiones, se llevó a cabo un análisis de coordenadas principales utilizando el conjunto de datos moleculares. Los primeros dos ejes principales contabilizaron un 51% de la variación total. La Figura 17 muestra el *biplot*

generado y pone en evidencia la gran distancia genética existente entre las variedades Tuni y Ojos de princesa.

El análisis de conglomerado (Figura 18) permitió la conformación de 5 grupos. El Grupo 1 quedó conformado por las variedades Morada y Cotagua morada que se encuentran a menor distancia, tal como se observa en el *biplo*t y en la matriz de distancias (0,30). En el segundo grupo se encuentran las variedades Malgacha y Collareja, también con bajos valores de distancia genética (0,32). El tercer grupo quedó constituido por las variedades Tuni y Bolinca redonda con distancias intermedias (0,41), el cuarto grupo conformado por Cotagua rosada y Bolinca alargada con distancias genéticas de 0,43 y finalmente, el grupo 5 formado por Ojos de princesa quién es la que presenta los mayores valores de distancia con el resto de los materiales evaluados (Tabla 31).

Si bien los marcadores morfológicos establecen las bases para identificar y diferenciar variedades, presentan limitantes tales como una obtención laboriosa, son limitados, subjetivos, influenciados por el ambiente e involucran estados de desarrollo específicos del cultivo (Yasmin et al., 2006). Sin embargo, juegan aún un papel central en el análisis de la variación en casi todas las especies cultivadas porque su uso no requiere tecnología sofisticada y algunas de ellas son de claro importancia agronómica (Newbury y Ford-Lloyd 1997). Por su parte, los marcadores moleculares son rápidos, objetivos, simples y abundantes, no afectados por el ambiente y pueden analizarse en cualquier etapa de desarrollo del cultivo y discriminan eficientemente las variedades de papa (Orona-Castro et al., 2006; Rocha et al., 2010; Yasmin et al., 2006). Ambos tipos de marcadores resultaron lo suficientemente discriminatorios para diferenciar entre accesiones, sin embargo, se ha observado una falta de congruencia entre las agrupaciones logradas por el uso de ambos tipos de datos. A fin de lograr una caracterización consensuada se estimó entre las variedades la distancia de Gower (Gower, 1971) que proporcionó una visión global de la diversidad. Este enfoque exploró los beneficios sinérgicos de los marcadores morfológicos y moleculares en la evaluación de la variabilidad genética.

Las distancias entre variedades tuvieron un valor máximo de 0,81 entre Tuni y Ojos de Princesa y un valor mínimo de 0,37 entre Malgacha y Collareja. De la observación de la matriz de distancia se pone en evidencia que existe una gran similitud con las distancias obtenidas con los marcadores de tipo molecular. Según Bertan et al., (2006), en general, el número de datos que se originan a partir de observaciones fenotípicas es mucho menor que los obtenidos a partir de marcadores moleculares, lo que genera cierto sesgo hacia el resultado del análisis molecular, por lo que el resultado revela una alta similitud entre los

resultados obtenidos por el análisis en conjunto y los generados solo por datos moleculares.

Finalmente, un factor a tener en cuenta al momento de evaluar las variedades, es su comportamiento a lo largo de los años y las localidades evaluadas ya que cambian las temperaturas y las precipitaciones (Figuras 4 y 5) como así también las variables edáficas. El fenotipo observado tanto para el rendimiento del cultivo, como para el resto de los caracteres, es una función del genotipo (G), el ambiente (E) y la interacción genotipo $\times$ ambiente (IGA) (Tabla 4, 5 y 6). Los datos climáticos registrados en la provincia, muestran altas temperaturas y bajas precipitaciones en la época de las últimas fases fenológicas del cultivo, que pudieron haber incidido negativamente. Si bien los ensayos contaban con riego complementario, el estrés hídrico pudo afectar el normal desarrollo del cultivo. La papa es muy sensible a déficit hídrico, y requiere de 400 a 600 litros de agua para producir 1 kilogramo de materia seca de tubérculos (Pinzón Correa, 2016). Cuando no se suministra esta cantidad de agua, ya sea por riego o por precipitaciones, las plantas no pueden desarrollar su área radicular y los tubérculos sufren deformaciones, al igual se ve afectado su tamaño y calidad y causando pérdidas de rendimiento (Ekanayake, 1993; Mateus Rojas, 2020). En el año 2018, e independientemente de la localidad, las todas las variedades tuvieron menores valores en rendimiento, reflejados en el menor peso promedio de tubérculos, número de ramificaciones y largo de tubérculo, a pesar de que en enero en una de las localidades (La Calera) tuvo un valor promedio de precipitaciones superior a los otros meses, no fue suficiente para compensar la falta de agua en los meses anteriores, que son los momentos que el cultivo lo necesita.

Comprender la estructura de esta interacción es importante en los programas de mejoramiento porque una IGA significativa puede perjudicar seriamente los esfuerzos en la selección de genotipos y programas de desarrollo de cultivares (Yan y Racjan 2002). Se dice que ocurre IGA cuando diferentes cultivares o genotipos responden de manera diferente en un ambiente diverso (Suwanto y Nasrullah, 2011).

Para aquellas variables que mostraron IGA significativa, que es un componente importante de la variabilidad fenotípica y determina un comportamiento diferenciado de los genotipos (Ortiz, R., et al., 2003), se realizaron estudios con el objetivo de identificar genotipos más estables o con mejor adaptación específica a la hora de realizar la selección y recomendación del cultivar en la etapa final del mejoramiento. Para ello se analizaron dos métodos de análisis, mediante el método de la Varianza de la estabilidad de Shukla

(1972) y mediante el uso de AMMI (Interacción Multiplicativa de Efecto Principal Aditivo), (Gauch,1988).

El método de Shukla (1972) analizado mediante el programa estadístico GEA-R (CIMMYT) es una metodología de agrupación descrita anteriormente por Francis & Kannenberg (1978) y luego adaptada a otros estudios (Gan et al., 2009; Beres et al., 2010; May et al., 2010) para explorar más a fondo las respuestas de los genotipos sobre los entornos. Para ello, se estimaron el valor promedio y el coeficiente de variación (CV) para cada genotipo, y los valores promedios se representaron frente al CV para cada genotipo. Se utilizó el valor promedio general de los genotipos y los CV para categorizar el área de ordenación del *biplot* en cuatro categorías: grupo I: valor promedio alta, variabilidad baja (óptima); grupo II: valor promedio alta, alta variabilidad; grupo III: valor promedio baja, alta variabilidad (pobre); y grupo IV: valor promedio baja, baja variabilidad (muy pobre). Para NT resultaron estables y de buen valor promedio las variedades Collareja (1) y Cotagua rosada (3) (Figura 19) mientras que para PT lo fue la variedad Ojos de princesa (7) (Figura 20) y para R lo fueron Morada, Cotagua morada y Tuni (8) y con un valor más cercana al valor promedio de todas las variedades estuvo la variedad Bolinca alargada (2) (Figura 21). Del análisis se desprende que ninguna de las variedades es estable para todos los caracteres.

El segundo modelo utilizado para el análisis de los datos de la IGA fue el de Efectos Aditivos Principales Multiplicativos (AMMI) el que demostró a través de la prueba de Gollob que el modelo de análisis era AMMI 1 ya que fue la única componente significativa. En general, los ambientes 2 (año 2016 La Calera), 3 (2017 Las Piedras Blancas), y las dos localidades para el año 2018 (5 y 6) fueron ambientes discriminantes para todas las variables analizadas.

Teniendo en cuenta en NT, Collareja y Cotagua rosada fueron estables y valores elevados (Figura 22), para PT (Figura 23), Cotagua morada y Ojos de princesa fueron estables y con pesos superiores mientras que Cotagua rosada y Bolinca redonda fueron estables con pesos promedios. Con relación al R (Figura 24), las variedades Cotagua morada y Morada presentaron las mejores condiciones siendo estables y de buen R mientras que Tuni manifestó un buen R, pero algo menos de estabilidad.

Las dos metodologías empleadas brindaron una información diferente, como disímil es el nivel de confianza. El método de Shukla es muy simple y de rápida interpretación visual, pero el método AMMI 1 es confiable y también de fácil interpretación.

Un factor importante a tener en cuenta al momento de seleccionar variedades aparte de su potencial de rendimiento y su estabilidad, como ya se ha señalado, lo constituyen las características deseables en el mercado y las necesidades de la cocina *gourmet*. En un estudio realizado en comunidades de Quebrada y Puna Jujeña se concluyó que, la elección varietal está condicionada por el intermediario en un 24%, la preferencia para el autoconsumo en 30% y 13% por el rendimiento y comportamiento sanitario (Alvarez, 2015). Actualmente el “papín” o papa pequeña, de (11 a 50 g), tiene la ventaja comparativa frente a las papas de mayor tamaño, (127 g) como la Spunta por ejemplo, (Jimenez M, et al 2007), de la alta demanda por parte de los hoteles y restaurantes locales, los que pagan un precio superior al obtenido del intermediario o en los mercados locales (Álvarez, 2015). El término *gourmet* se utiliza como adjetivo para calificar a aquellas comidas de elaboración refinada. La calidad de los ingredientes y la forma de preparación es lo que determina que un plato sea considerado o no *gourmet*. Los alimentos *gourmet* son preparaciones elaboradas con ingredientes exquisitamente seleccionados, con exhaustivos cuidados de higiene y de las propiedades organolépticas. El concepto de producto *gourmet* puede variar de un país a otro, se trata de aquellos productos de la gama de alta calidad dentro de cada grupo de alimentos, con un alto valor añadido incorporado y con un consumo, en general, esporádico (Infocenter, 2009). Según Infocenter (2009) y Prochile (2011) es un alimento de alta calidad, que se diferencia por cumplir al menos una de las siguientes características: Carácter único, Origen exótico, procesamiento particular, proceso productivo diferenciado o especial (artesanal), distribución especializada y limitada. Deben presentar una calidad superior a la de productos de su misma naturaleza en el mercado general, originalidad y unicidad, presentación única, distintiva, carácter regional o étnico que se perciba de forma positiva en el mercado consumidor. El precio debe ser superior a los de sus sustitutos. Su valor se construye en base a la diferenciación y a la segmentación. Se dirigen a un público selecto, en general no se utiliza estrategia de *marketing* de promoción masiva. Monteros y Reinoso (2011) y Monteros et al., (2011), reportan una serie de productos empleando papas nativas en preparaciones de alimentos *gourmet*, destacándose las fritas u hojuelas de papa Pinta Boca

y la papa en conserva de la variedad Waycha, además presentan un recetario regional que incluye las preparaciones de Bolivia, Perú, Ecuador y Venezuela.

Una de las características importantes que deben cumplir las papas andinas para ser consideradas dentro de este tipo de cocina es el peso del tubérculo que debe fluctuar entre los 11 a 50 gramos.

Por lo tanto, la selección de las variedades a producir por los agricultores dependerá de su destino. Si el mismo es la producción de un producto general, la variable de mayor importancia es el rendimiento en kg/ha y la estabilidad que manifieste. En este caso se aconseja el uso de las variedades Cotagua morada, Morada y en menor medida la variedad Tuni. Si el destino de la producción es para el mercado *gourmet* las variedades seleccionadas son Bolinca redonda, Bolinca alargada y Cotagua rosada que presentan los tamaños de tubérculo adecuado, pero por su rendimiento y estabilidad se aconseja la variedad Bolinca alargada.

En el marco de un programa de mejoramiento destinado a la obtención de nuevas variedades se definió en primera instancia el ideotipo buscado es decir cómo sería la planta hipotética descrita en términos de características que se cree aumentan el potencial de rendimiento genético. En base a algunos requerimientos de mercado para la cocina *guormet* y según los caracteres estudiados en este trabajo, se definieron como componentes principales del ideotipo para la papa andina de Catamarca a un material que presente un peso de tubérculo entre los 11 a 50 gramos, un número de tubérculo alto y un rendimiento elevado y estable.

A partir de los análisis de la variabilidad existente en la colección de trabajo formada por las 9 variedades de papa andina se plantearon tres estrategias de cruzamientos, seleccionando en base a cada una de ellas, aquellas variedades con mayor aptitud para ser usadas como progenitoras.

Estas estrategias están basadas en la posibilidad de explotar la heterosis y la producción de segregantes transgresivos.

Es de destacar que la papa andina cultivada es de tipo tetraploide ($2n = 4x = 48$) con herencia tetrasómica y que posee una segregación genética complicada (Howard, 1970; Ross, 1986 y Matsubayashi, 1991). En el caso más extremo, ocho alelos diferentes pueden segregarse independientemente en las poblaciones, como resultado de la hibridación entre dos progenitores tetraploides. Esto implica que incluso un solo locus puede mostrar una

variación continua (Meyer et al., 1998). En los materiales tetraploides es inferior la proporción de segregantes transgresivos (individuos con valores más extremos que los progenitores), según Wricke y Weber (1986), la probabilidad de encontrar segregantes transgresivos en una población autotetraploide es inferior a la de un cultivo diploide. Sin embargo, la papa tiene la ventaja de la propagación vegetativa debido a que un clon, aunque inicialmente puede ser una sola planta, puede multiplicarse con todas sus acciones genéticas interalélicas e intraalélicas intactas, y si se encuentra prometedora, puede adoptarse como una variedad para el cultivo comercial.

La heterosis ha sido ampliamente explotada en el mejoramiento de la papa, particularmente para la producción de tubérculos (Buso et al, 2000, Gopal, 2006; Bugarcic et al., 2008). Gopal et al., (2006) reportaron heterosis para vigor de planta, rendimiento de tubérculo, número de tubérculo y tamaño de tubérculo en papa. Luthra et al. (2006) informaron que la heterosis positiva para el rendimiento de tubérculos en una población estaba invariablemente asociada con heterosis positiva para el número de tubérculos. Las progenies heteróticas también tuvieron un valor promedio elevado tanto para el rendimiento como para el número de tubérculos lo que sugiere que los cruces heteróticas podrían identificarse en función del valor promedio de su progenie (Gopal et al., 2000; Luthra et al., 2006).

Sanford y Hanneman, (1982), Chimote et al., (2008) y Biswas et al., (2008, 2011) sugirieron que los padres divergentes pueden ser útiles en la planificación de la hibridación dirigida a la utilización efectiva de la heterosis.

La relación positiva entre diversidad genética y rendimiento de tubérculos ha sido confirmada por muchos autores, incluidos y Rowe (1967), Mendoza y Haynes (1974), Mok y Peloquin (1975), Cubillos y Plaisted (1976), De Jong et al., (1981), Landeo y Hanneman (1982); Estrada-Ramos (1984), Gopal y Minocha (1997), Luthra et al., (2001, 2005, 2006).

Gopal y Minocha (1997) informaron que la relación entre las distancias genéticas y la heterosis era más fuerte cuando los padres eran evaluados bajo condiciones similares a aquellas bajo las cuales se evaluaron los cruces. Esto refleja la importancia de interacción genotipo x ambiente y su influencia en la estabilidad de los caracteres. Esto último es más difícil debido a que poco se sabe de la heredabilidad de la estabilidad de diferentes caracteres incluido el rendimiento y es considerada como una cualidad esencial de los sistemas productivos vegetales eficientes (Finlay y Wilkinson, 1963; Francis y

Kannenbergh, 1978; Becker y León, 1988; Malosetti et al., 2004) particularmente para hacer frente a los nuevos desafíos impuestos por el cambio climático.

En el fitomejoramiento se han desarrollado diferentes metodologías a lo largo de la historia, entre las más recientes es la edición génica, ésta es un conjunto de metodologías que permiten introducir cambios en el ADN mediante la generación de roturas de doble cadena (DSB) en las secuencias del genoma que se desea modificar. En especies cultivadas desde el 2013 se realizan estudios de edición génica con la tecnología CRISPR/Cas, como resistencia a enfermedades, calidad de aceites, calidad de grano, rendimiento, estructura de la planta y floración (Zarantes, L. et al 2020). Se estima que esta técnica puede reducir drásticamente los tiempos del mejoramiento y puede producir una modificación radical en los programas de mejoramiento, tanto en animales como en plantas de reproducción clonal como la papa, el banano, la yuca, la caña de azúcar o la vid, entre otros, todos cultivos de importancia para la región (Feingold, 2019).

Esta técnica se implementó también en papa, buscando la mutagénesis SDM, enfocando principalmente características relacionadas con la tolerancia a herbicidas y la calidad del tubérculo. Las tecnologías CRISPR-Cas9 han sido usadas en papa para eliminar la producción de glicoalcaloides esteroideos y hormonas Aux/IAA silenciando los genes St16DOX y StIAA2, respectivamente (Wang et al., 2015). Igualmente, para evitar la integración del ADN de transferencia durante los procesos de transformación se han usado ribonucleoproteínas (RNPs) usando el sistema de CRISPR-Cas9 vía protoplastos en papa, focalizando en el gen GBSS que codifica para el almidón sintasa, unida al grano, para prevenir la integración de Cas9 en el genoma de la papa (Andersson et al., 2018).

La edición de una sola base, también se ha logrado en papa. Por ejemplo, se han generado mutaciones puntuales específicas dirigidas a los genes GBSS y ALS mediante la edición de bases en protoplastos, acoplando la deaminasa A3A humana con una nikasa Cas9, aumentando la ventana de deaminación para 17 nucleótidos en comparación con los 5 nucleótidos observados en otros sistemas (Zong et al., 2018).

Por la naturaleza compleja de la papa, se limita la focalización de los alelos en cromosomas homólogos con SDM (alelo mutante), para ello se ha introducido un potenciador derivado de la región no traducida 5' del mRNA de OsMac3 (dMac3) en un casete CRISPR/Cas9 para aumentar la mutagénesis de alelos específicos de cromosomas. dMac3 aumenta la síntesis de Cas9, incrementando la proporción de GBSS KO (desactivación de genes por sus siglas en inglés) que contienen cuatro alelos mutantes (Kusano et al., 2018).

La Estrategia 1 aquí evaluada, basada en el cruzamiento entre variedades con la mayor distancia genética posible para generar una población segregante (F_1) con alta variabilidad, determinó que los materiales superiores deberían provenir de la hibridación entre Tuni y Ojos de Princesa, que presentaron las mayores distancias de Gower como así también podrían realizarse hibridaciones entre Cotagua Rosada y Bolinca redonda como así también Tuni con Collareja o con Cotagua rosada.

La Estrategia 2 se considera la hibridación entre variedades sólo con características deseables para obtener una F_1 con variabilidad, pero con una alta frecuencia de alelos favorables. Las hibridaciones deberían efectuarse entonces entre las variedades Bolinca alargada, Bolinca redonda y Cotagua rosada. Esta última cumple con los dos requisitos establecidos, es decir, buen rendimiento y adecuado peso de tubérculo. Tanto Bolinca alargada como la redonda tienen un peso correcto pero un rendimiento inferior.

De acuerdo a la Estrategia 3, es decir, cruzamientos complementarios entre variedades con alguna característica deseable para derivar una F_1 con variabilidad pero que incluya genotipos que reúnan dichas características deberían seleccionarse las variedades Cotagua rosada y Cotagua morada por manifestar un elevado potencial de rendimiento e hibridarlas con las variedades Bolinca alargada o Bolinca redonda que presentan un peso de tubérculo adecuado.

Como resultado final del examen de las tres estrategias sería favorable efectuar principalmente la hibridación entre Cotagua rosada y Bolinca redonda.

Teniendo en cuenta que en los análisis de interacción genotipo*ambiente estas dos variedades se comportan como estables para las diferentes variables evaluadas la progenie generada tendría una oportunidad mayor de presentar estabilidad dependiendo de la heredabilidad de la estabilidad.

Estas estrategias presentadas son indicadores de la posible presencia de heterosis o segregantes transgresivos en las descendencias, pero sólo a través de la determinación de la aptitud combinatoria específica de las cruzas estaremos seguros de la presencia de heterosis.

CONCLUSIONES

- * Se ha podido constatar que las variedades utilizadas son genotipos tetraploides corroborado tanto por conteo cromosómico como por citometría de flujo y que tienen la capacidad de producir a menores alturas que las citadas previamente por otros autores en otros lugares en condiciones adecuadas de manejo.
- * Presentan una diversidad fenotípica y genética que permitiría su utilización para obtener nuevas variedades para esos sistemas de producción locales.
- * Se encontraron diferencias significativas y altamente significativas entre variedades para la mayoría de las variables excepto para las variables LT que fue excluida del análisis.
- * En el cálculo de las correlaciones fenotípicas se comprueba que las variables morfo-agronómicas específicamente R estuvo más correlacionada con PT que con NT y que entre estas dos existe una correlación negativa. Estas correlaciones se mantienen independientemente de las localidades de evaluación.
- * Se obtuvieron 30 bandas con un porcentaje de bandas polimórficas del 87%. El análisis de Agrupamiento permitió formar 5 grupos altamente diferenciados.
- * Los análisis multivariados tanto a nivel morfológico como molecular permitieron establecer categorías de similitud y divergencias entre los nueve genotipos y postular estrategias para un plan de mejoramiento donde se busquen acciones heteróticas o bien la segregación transgresiva como nueva fuente de nueva variabilidad.
- * Entre las variedades Tuni y Collareja se estableció la mayor distancia genética utilizando las distancias Euclídeas mientras que tanto Tuni y Ojos de princesa mostraron las mayores distancias tanto a nivel moleculares como con la distancia de Gower.
- * El estudio de la IGA puso en evidencia que los distintos entornos de prueba generados tienen diferente capacidad informativa (entornos discriminantes) como representatividad según cuál sea la variable analizada, remarcando así la importancia de tener en cuenta su magnitud en el momento de evaluar diferentes genotipos como posibles parentales.
- * Del análisis de las estrategias para la selección de progenitores a hibridar se desprende que sería favorable efectuar principalmente la hibridación entre Cotagua rosada y Bolinca redonda.

Este trabajo se inscribe entre los primeros análisis de genotipos de papa andina adaptados a la producción en la Provincia de Catamarca.

BIBLIOGRAFÍA

- Alonso, (1996) El cultivo de la patata. Ediciones Mundi-Prensa. Editorial Aedos. Barcelona, España. 272 pp.
- Alvarez, E. (2015) Implicancias de la Biotecnología en sistemas de producción campesina de papa andina (*Solanum tuberosum* ssp *andigena* Hawkes). Tesis Magister. Facultad de Ciencias Agrarias. Universidad Nacional de Jujuy. Argentina.
- Alvarez-Morezuelas A., Barandalla L., Ritter E., Lacuesta M., Ruiz de Galarreta J.I. (2022) Physiological response and yield components under greenhouse drought stress conditions in potato Journal of Plant Physiology 278. <https://doi.org/10.1016/j.jplph.2022.153790>
- Ames, M.; Spooner D. (2008). “Origen, Dometicación y Diseminación temprana de la papa” I° Congreso Nacional de la Papa, Huacayo, Perú- Mayo 22- 2008.
- Andersson, M., Turesson, H., Olsson, N., Fält, A.-S., Ohlsson, P., Gonzalez, M. N., et al. (2018). Genome editing in potato via CRISPR-Cas9 ribonucleoprotein delivery. Physiologia Plantarum 164, 378–384. doi:10.1111/ppl.12731.
- Anguiz, R. J. (1993). Habilidad combinatoria general (HCG) y específica (HCE) para resistencia a marchitez bacteriana (*Pseudomonas solanacearum* E. F. Smith) en papas autotetraploides inmunes a los virus X e Y. Tesis Mg.Sc., UNALM. 68pp.
- Aranguren-Mendez, J. A., Román-Bravo, R., Isea, W., Villasmil, Y., Jordana, J. (2005). Los Microsatélites (STR´s), Marcadores Moleculares de DNA por Excelencia para Programas de Conservación: una revisión. Facultad de Ciencias Veterinarias, La Universidad del Zulia. Apartado 15252, Maracaibo, Estado Zulia, Venezuela. Arch. Latinoam. Prod. Anim. 2005. 13(1): 30-42.
- Arslan B., (2007). Relationships Among Yield and Some Yield Characters in Potato (*S. tuberosum* L.). Journal of Biological Sciences, 7: 973-976.
- Atencio, H.M. (2010). Diversidad en variedades andinas de papa (*Solanum tuberosum* ssp. *andigena*) evaluada con microsatélites. Tesis Maestría, FCA, Universidad Nacional de Mar del Plata. 135 p. (Disponible: <http://intrabalc.inta.gob.ar/dbtw-wpd/images/Atencio-H-M.pdf> verificado: junio de 2018).

- Atencio, H., Ispizúa, N. V., Feingold, S., & Clausen, A. M. (2019). Conservación ex situ de variedades de papas nativas. Caso de estudio de la variedad 'Collareja' del noroeste de la Argentina. *RIA. Revista de investigaciones agropecuarias*, 45(2), 242-251.
- Avila-Valdes Andrea, Quinet Murielf, Lutts Stanley, Juan Pablo Martinez, Carolina Lizana X. (2020). Tuber yield and quality responses of potato to moderate temperature increase during Tuber bulking under two water availability scenarios. *Field Crops Research* 251 107786. DOI.org/10.1016/j.fcr.2020.107786.
- Bahrman, N., Le Gouis, J., Hariri, D. (1999). Genetic diversity of old French six-rowed winter barley varieties assessed with molecular, biochemical and morphological markers and its relation to BaMMV resistance. *Heredity* 83, 568–574.
- Balzarini, M. G. y Di Rienzo, J. A. (2016). InfoGen. FCA. Universidad Nacional de Córdoba, Argentina. <http://www.info-gen.com.mx>.
- Barriga B., R. Fuentes P., B. Carrillo L. y C. Jobet F., (1983). Heredabilidad de algunos caracteres agronómicos y morfofisiológicos en triticale hexaploide. *Agrosur* 11 (1): 43-48.
- Becker, HC, León, J. (1988). Análisis de estabilidad en fitomejoramiento. *Raza vegetal*. 101, 1–23. doi: 10.1111/j.1439-0523.1988.tb00261.x.
- Bedogni, M. C., Capezio, S., Huarte, M. (2009). Comportamiento frente a estrés hídrico de variedades nativas y especies silvestres de papa. *Revista latinoamericana de la Papa*, 15(1), 72-74.
- Beres, B. L., Clayton, G. W., Harker, K. N., Stevenson, C. F., Blackshaw, R. E. & Graf, R. J. (2010). A sustainable management package to improve winter wheat production and competition with weeds. *Agronomy Journal*, 102, 649–657.
- Bernardo, R. (2002). Breeding for quantitative traits in plants (Vol. 1, p. 369). Woodbury: Stemma press.
- Bertan R., Carvalho O., Oliveira A. (2006). Parental Selection Strategies in Plant Breeding Programs. *J. Crop Sci. Biotech.* 10 (4): 211-222.
- Biswas, M.K., Mondal, M.A., Hossain, M., Islam, R. (2008). Utilization of genetic diversity and its association with heterosis for progeny selection in potato breeding programs. *Am-Eur J Agric Environ Sci* 3:882–887.

- Biswas, M.K., Ahmmed, B., Aziz, M.A., Hoque, A., Islam, R., Hossain, M., Mandal, A. (2011.) In exploitation of genetic diversity in potato breeding in Bangladesh. *J Biodivers Environ Sci* 1:12–25.
- Black, W., (1945). Inheritance of resistance to blight (*Phytophthora infestans*) in potatoes. Unbalanced segregations. *Proc. Roy, Soc. Edinburgh, Secc. 13*, 62, 171-181.
- Blum, A. (1988). *Fitomejoramiento para ambientes de estrés*. Boca Ratón: CRC Press.
- Bolaños, J. y Edmeades, G. O. (1996). La importancia del intervalo anthesis-descamación en el mejoramiento de la tolerancia a la sequía en el maíz tropical. *Investigación de cultivos de campo* 48: 269–286.
- Boletín de “Botánica y morfología de la papa” del INIA-Instituto de Investigaciones Agropecuarias, No. 193, Inostroza, F. et. al., (2009).
- Bonierbale, M. W., Amoros, W.R., Salas, E. de Jong W. (2020). Potato Breeding. Chapter 6. Pag. 163. H. Campos, O. Ortiz (eds.). En: *The Potato Crop*, https://doi.org/10.1007/978-3-030-28683-5_6.
- Botstein, D., R. White, M. Skolnick, Davis, R.W. (1980). Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms. *Am. J. Hum. Genet.* 32:314-331.
- Bukasov, S.M. 1971. Cultivated potato species. In: Bukasov, S.M. ed. *Flora of cultivated plants*. Kolos, Leningrado, Rusia. pp. 5-40.
- Bugarcic, Z., Milosvic, D., Djalovic, I., Manojlovic, D. (2008). New and modern methods of potato breeding. *Agroznanje-Agro-Knowl J* 9:41–53
- Buso, J.A., Boiteux, L.S., Peloquin, S.J. (2000). Heterotic effects for yield and tuber solids and type of gene action for five traits in 4x potato families derived from interploid (4x–2x) crosses. *Plant Breed* 119:111–117.
- Cabello, R., Monneveux, P., Bonierbale, M., Awais, K. (2014.). Heritability of Yield Components Under Irrigated and Drought. Conditions in Andigenum Potatoes. *Potato Res.* DOI 10.1007/s12230-014-9379-7.

- Cadima, X., Veramendi, S., Gabriel, J. (2013). Uso de marcadores moleculares microsatélites para el análisis de la diversidad genética de papa nativa de Bolivia. *Journal of the Selva Andina Research Society*, 4(1), 18-30.
- Caldiz, D.O, Gaspari, F.J. (1997). Análisis de los factores determinantes del rendimiento en papa (*Solanum tuberosum*) con especial referencia a la situación argentina. *Revista de la Facultad de Agronomía, La Plata* 102 (2).
- Camadro, E. L. (2011). Hibridación y flujo génico en especies silvestres de papa de la Argentina. *BAG. Journal of basic and applied genetics*, 22(1), 0-0.
- Celebi-Toprak, F., Behnam, B., Serrano, G., Kasuga, M., Yamaguchi – Shinozaki, K., Naka, H., ...& Watanabe, K. N. (2005). Tolerancia al estrés salino de la papa tetraploide tetrasómica transgénica, *Solanum tuberosum* cv. Desiree parece estar inducida por el gen DREB1A y el promotor rd29A de *Arabidopsis thaliana*. *Ciencia de la cría*, 55(3), 311-319.
- Chimote, V.P., Kumar, R., Sharma, N., Kamal, S. (2008). Nuclearcytoplasmic diversity in parental genotypes used for Indian early bulking potato (*Solanum tuberosum* ssp. *tuberosum*) breeding programme. *Ind J Genet Plant Breed* 68:171–176.
- Clausen, A.M.; Colavita, M.; Butzonitch, I.; Carranza, A.V. 2005. A potato collecting expedition in the province of Jujuy, Argentina and disease indexing of virus and fungus pathogens in Andean cultivars. *Genetic Resources Crop Evolution*. 52, 1099-1109.
- Clausen, A. M., Ispizúa, V. N., & Digilio, A. (2010). Native Andean Potato Varieties in Argentina: Conservation and Evaluation of an Endangered Genetic Resource.
- Collard, B. C. Y., Jahufer, M. Z. Z., Brouwer, J. B. & Pang, E. C. K. (2005). An introduction to markers, quantitative trait loci (QTL) mapping and marker-assisted selection for crop improvement: The basic concepts. *Euphytica* 142, 169-196.
- Contrera, G.; Perea, J.; Barrionuevo, A. & J. Vildoza. 1° Catálogo de papa andina (*Solanum tuberosum* ssp. *andigena*) de la provincia de Catamarca. 4° Jornadas de Divulgación Científica y Técnica de la Facultad de Ciencias Agrarias, Facultad de Ciencias Agrarias. Universidad Nacional de Catamarca. (2021). ISBN: 978-987-661-397-2.
- Cooperativa Agropecuaria y Artesanal Unión Quebrada y Valles. Cauqueva. Marzo 2010. Quebrada de Humahuaca. Jujuy. Argentina. <http://www.cauqueva.com.ar>.

- Córdoba-Figueroa, M. E., Criollo-Escobar, H., Insuasty-Córdoba, S., & Mateus-Rodríguez, J. F. (2021). Differential growth and yield responses of local potato cultivars from basic seed tubers. *Horticultura Brasileira*, 39, 272-278.
- Crossa, J. (1990). Statistical Analysis of Multilocations Trials. *Adv. Agron.* 44:55-85
- Crossa, J., DeLacy, I.H., Taba, S. (1995). The use of multivariate methods in developing a core collection, pp. 77-92. En: Hodgking, T., A.H.D. Brown, Th.J.L. van Hintum y E.A.V. Morales (eds.). *Core collections of plant genetic resources*. International Plant Genetics Resources Institute (IPGRI). Cali, Colombia. 269 p.
- Cubillos, A.G., Plaisted, R.L. (1976). Heterosis for yield in hybrids between *S. tuberosum* spp. *tuberosum* and *S. tuberosum* spp. *andigena*. *Am Potato J* 53:143–150.
- de Galarreta JR., Barandalla L., Lorenzo R., Gonzalez J., Rios DJ., Ritter E. (2013). Microsatellite variation in potato landraces from the island of La Palma. *Revi Span J Agricu Res.*; 5(2), 186-192. DOI: <http://doi.org/10.5424/sjar/2007052-5360>.
- de Haan, S. (2009). *Potato Diversity at Height: multiple dimensions of farmer-driven in-situ conservation in the Andes*. PhD thesis Wageningen University, Países Bajos. ISBN: 978-90-8585-331-2.
- de Jong, H, Tai, G.C.C., Russel, W.A., Jonston, G.R., Proudfoot, K.G. (1981). Yield potential and genotype-environment interactions of tetraploid–diploid (4x–2x) potato hybrid. *Am Potato J* 58:191–199.
- de Laat, A. M. A., Göhde, W., Vogelzang, M. J. D. C.(1987). Determination of ploidy of single plants and plant populations by flow cytometry. *Plant Breed.* 99: 303-307.
- Delpino, M. J. (2014). *Saberes tecnológicos de papa andina en el noroeste argentino* (Doctoral dissertation, Universidad de Buenos Aires. Facultad de Agronomía. Escuela para Graduados).
- Del Rio, A., Bamberg, J., Huamán, Z. (2006). Genetic equivalence of putative duplicate germplasm collections held at CIP and US potato genebanks. *Am. J. Potato Res.* 83:279-285.
- Del Rio, A. & Bamberg, J. (2021). An AFLP Marker Core Subset for the Cultivated Potato Species *Solanum phureja* (*Solanum tuberosum* L. subsp. *Andigenum*). *American Journal of Potato Research*, 98(5), 374-383.

- Devaux, A., Manrique, K., & Thiele, G. (2005). Papa andina: Generando innovaciones para apoyar a los agricultores de los Andes. Papa Andina. CIP. Lima, Perú.
- Dice, L.R., (1945). Measures of the amount of ecological association between species. *Ecology* 26: 297–307.
- Di Rienzo, J. A.; Casanoves, F.; Balzarini, M. G.; González, L.; Tablada, M. y Robledo, C. W. InfoStat, versión 2015. Grupo InfoStat, FCA, Universidad Nacional de Córdoba. Argentina.
- Di Rienzo, J. A., Casanoves, F., Balzarini, M. G., González, L., Tablada, M., & Robledo, C. W. (2020). InfoStat 2020. Grupo InfoStat, FCA, Universidad Nacional de Córdoba, Argentina (25, 01, 2022). Available online: <http://www.infostat.com.ar>.
- Dodds, K. S. y Paxman, G. J. (1962). El sistema genético de papas diploides cultivadas. *Evolución*, 154-167.
- Estévez, A.; González, M. E.; Castillo, J.; E. Ortiz y Ortiz, U. (1998). Selección de clones cubanos de papa (*Solanum tuberosum* L.) procedentes familia híbridas obtenidas en el Centro Internacional de la Papa. *Cultivos Tropicales*. 19(3): 69-43.
- Estrada-Ramos, N. (1984) Acaphu: tetraploid fertile breeding line selected from a *Solanum acaule* x *S. phureja* cross. *Am Potato J* 61:1–8.
- Estrada Ramos, N., (2000). La biodiversidad en el mejoramiento genético de la papa. Bibliographic information; Publisher, Plural editores, ISBN, 8489891680, 9788489891685; Length, 372 pages.
- Ekanayake, I. J. (1993). Evaluación de resistencia a la sequía en genotipos de papa y batata (camote). Guía de investigación Centro Internacional de la Papa (CIP) 19, Lima, Perú. 16 p.
- Ewing, EE (1995). El papel de las hormonas en la tuberización de la papa (*Solanum tuberosum* L.). En *Hormonas vegetales: fisiología, bioquímica y biología molecular* (págs. 698-724). Dordrecht: Springer Países Bajos.
- Falconer, D. (1960). *Quantitative genetics* Edinburgh. Scotland: Oliver & Boyd.
- Falconer, D.S. & Mackay, T.F.C. (1996) 'Introduction to quantitative genetics.' Harlow, UK.

- Favoretto, P.; Veasey, E.A., Melo, P. (2011). Molecular characterization of potato cultivars using SSR markers. *Horticultura Brasileira* 29: 542-547.
- Feingold S. 2019. El desafío de la Edición de Genomas en Argentina y la Región. Laboratorio de Agrobiotecnología de la EEA Balcarce. Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria - INTA – ARGENTINA. Taller Técnico Edición génica en cultivos y ganadería para América Latina y el Caribe. Fondo semilla – Fontagro. Octubre 16 – 18. AGROSAVIA. Bogotá, Colombia.
- Finlay, K.W., Wilkinson, G.N. (1963). El análisis de la adaptación en un programa de fitomejoramiento. agosto *J. Agric. Res.* 14, 742. doi: 10.1071/AR9630742.
- Gauch, HG y Zobel, RW (1988). Éxito predictivo y posdictivo de análisis estadísticos de ensayos de rendimiento. *Genética teórica y aplicada*, 76 (1), 1-10.
- Gan, Y. T., Warkentin, T. D., McDonald, C. L., Zentner, R. P. & Vandenberg, A. (2009). Seed yield and yield stability of chickpea in response to cropping systems and soil fertility in northern latitudes. *Agronomy Journal*, 101(5), 1113–1122.
- Gavrilenko, T., Antonova, O., Ovchinnikova, A., Novikova, L., Krylova, E., Mironenko, N., Pendinen, G., Islamshina, A., Shvachko, N., Kiru, S., Kostina, L., Afanasenko, O., Spooner, D. (2010). A microsatellite and morphological assessment of the Russian National cultivated potato collection. *Genet. Resour. Crop Evol.* 57:1151-1164.
- Ghislain, M., Rodriguez, F., Villamón, F., Nuñez, J., Waugh, R., Bonierbale, Merideth. (1999). Establishment of Microsatellite Assays for Potato Genetic Identification.
- Ghislain, M., Zhang, D., Fajardo, D., Huamán, Z. Hijmans, R.J. (1999). Marker-assisted sampling of the cultivated Andean potato *Solanum phureja* collection using RAPD markers. *Genetic resources and crop evolution*. 46(6), 547-555.
- Ghislain, M., Spooner, D.M., Rodríguez, F., Villamón, F., Núñez, J., Vásquez, C., (2004). Selection of highly informative and user-friendly microsatellites (SSRs) for genotyping of cultivated potato. *Theor Appl Genet* 108:881–890. doi: 10.1007/s00122-003-1494-7.
- Ghislain, M., Andrade, D., Rodríguez, F., Hijmans, R.J., Spooner, D.M. (2006). Genetic analysis of the cultivated potato *Solanum tuberosum* L. Phureja Group using RAPDs and nuclear SSRs. *Theor. Appl. Genet.* 113:1515-1527.

- Ghislain, M., Andrade, D., Rodríguez, F., Hijmans, R.J., Spooner, D.M. (2006). Genetic analysis of the cultivated potato *Solanum tuberosum* L. Phureja Group using RAPDs and nuclear SSRs. *Theor. Appl. Genet.* 113:1515-1527.
- Ghislain, M., Nuñez, J., Herrera, M.R., Pignataro, J., Guzmán, N., Bonierbale, M., Spooner, D.M. (2009). Robust and highly informative microsatellite-based genetic identity kit for potato. *Mol. Breeding* 23:377-388. DOI 10.1007/s11032-008-9240-0.
- Gollob, H.F. (1968). Un modelo estadístico que combina características de análisis factorial y técnicas de análisis de varianza. *Psicometría*, 33 (1), 73-115.
- Gomez, R. 2000. Guía para las Caracterizaciones Morfológicas Básicas en Colecciones de Papas Nativas. International Potato Center (CIP), Lima, 1-27. 27 p.
- Gomez Bonilla, I., & Rodriguez, C. L. (1994). Trapping of adult *Liriomyza huidobrensis* (Blanchard) with yellow traps and its relation to the damage produced in potato plants (*Solanum tuberosum*). *Manejo Integrado de Plagas* (Costa Rica).
- Gopal, J. (2006). Considerations for successful breeding. In: Gopal J, Khurana SMP (eds) *Handbook of potato production, improvement and postharvest management*. Haworth's Press, New York, pp 77–108.
- Gopal J, Minocha JL (1997) Genetic divergence for cross prediction in potato. *Euphytica* 97:269–275.
- Gopal, J., Chahal, G.S., Minocha, J.L. (2000). Progeny mean, heterosis and heterobeltiosis in *Solanum tuberosum* x *tuberosum* and *S. tuberosum* x *andigena* families under a short day sub-tropic environment. *Potato Res* 43:61–70.
- Goulet, B.E., Roda, F., Hopkins, R. (2017). Hybridization in plants: old ideas, new techniques. *Plant Physiology* 173, 65-78.
- Gower, J.C. (1971). General coefficient of similarity and some of its properties. *Biometrics*. 27, 857-874.
- Gray, D., 1972. Experimentos de espaciamiento y fecha de cosecha con papas Maris Peer. *Revista de Ciencias Agrícolas*, Cambridge 79: 281–290.
- Guía MIP en el cultivo de la papa. Managua, enero de 2004. 1ra. Edición.

- Gururani, M.A., Upadhyaya, C.P., Baskar, V., Venkatesh, J., Nookaraju, A. y Park, S.W. (2013). Las rizobacterias que promueven el crecimiento de las plantas mejoran la tolerancia al estrés abiótico en *Solanum tuberosum* mediante la inducción de cambios en la expresión de enzimas que eliminan ROS y un mejor rendimiento fotosintético. *Revista de regulación del crecimiento vegetal*, 32 (2), 245-258.
- Guttman, L. (1954). Los componentes principales de las actitudes escalables.
- Hancock, RD, Morris, WL, Ducreux, LJ, Morris, JA, Usman, M., Verrall, SR, ... y Taylor, MA (2014). Respuestas fisiológicas, bioquímicas y moleculares de la planta de papa (*Solanum tuberosum* L.) a temperatura moderadamente elevada. *Planta, célula y medio ambiente*, 37 (2), 439-450.
- Hawkes, J.G., and Hjerting, J.P. (1969). The potatoes of Argentina, Brazil, Paraguay and Uruguay. A biosystematic study. Oxford University Press, Oxford.
- Hawkes, J.G. (1990). The potato: evolution, biodiversity and genetic resources. Oxford. Belhaven Press, Londres. Reino Unido. 259 p.
- Hayes, H.K., Immer, F.R. y Smith, D.C. (1955). Métodos de fitomejoramiento. Métodos de fitomejoramiento. (2ª ed.).
- Hernández Castillo, E. (1989). Herencia de los factores de calidad para procesamiento de papas autotetraploides. Tesis Mg.Sc., UNALM. 96pp
- Hijmans R., Spooner, D. (2001). Geographic distribution of wild potato species. *American Journal of Botany* 88, 2102-2112.
- Hijmans, R.J. (2003). El efecto del cambio climático en la producción mundial de papa. *Revista americana de investigación de la papa*, 80 (4), 271-279.
- Hijmans, R.J., M. Jacobs, J.B. Bamberg y D.M. Spooner. (2003). Frost tolerance in wild potato species: assessing the predictivity of taxonomic, geographic, and ecological factors. *Euphytica* 130, 47-59.
- Hijmans, R.J., Cameron, S.E., Parra, J.L., Jones, P.G., JARVIS, A. (2005) En: Very high resolution interpolated climate surfaces for global land areas. – *Int. J. Climatol.* 25, 1965–1978.

- Hijmans, R. J., Spooner, D., Salas, A., Guarino, L., de la Cruz, J. (2002). Atlas de papas silvestres. Systematic and Ecogeographic Studies on Crop Genepools 10. IPGRI.
- Hooker, W. J. (1986). Compendium of Potato Diseases. St. Paul, MN. American Phytopathological Society, 15, 33-34.
- Howard, H.W. (1970). Genetics of the Potato (*Solanum tuberosum* L.). Logos Press, London. 126 p.
- Hougas, R.W., Peloquin, S.J. y Ross, RW (1958). Haploides de la papa común. *Revista de herencia*, 49 (3), 103-106.
- Huanco Sacachipana, V. (1990). Estudio de tipo de acción génica para resistencia a heladas en clones tetraploides de papa. Tesis Mg.Sc., UNALM. 72pp.
- Huang, X., Han, B. (2014). Natural variations and genome-wide association studies in crop plants. *Annual Review of Plant Biology* 65, 531-551.
- Howard, H.W. (1970) . Genetics of the potato. Logos Press, London.
- Huang, X., Han, B. (2014). Natural variations and genome-wide association studies in crop plants. *Annual Review of Plant Biology* 65, 531-551.
- Huamán, Z., J.T. Williams, W. Salhuana, L. Vincent. (1977). A List of Descriptors for the cultivated potato and for the maintenance and distribution of germplasm collections. Centro Internacional de la Papa (CIP), Lima. 57p.
- Huaman N, Z., Hawkes J. G., and Rowe P. (1983). Chromatographic studies on the origin of the cultivated potato *Solanum ajanhuiri*. *American Potato Journal* 60: 361–367.
- Huamán, Z., Spooner, D. (2002) Reclassification of landrace populations of cultivated potatoes (*Solanum secc Petota*). *American Journal of Botany* 89.
- Huamán, Z. (2008). Descriptores morfológicos de la papa (*Solanum tuberosum* L.). Centro de Conservación de la Biodiversidad Agrícola de Tenerife.
- Ingram, C. K.T., McCloud, D.E. (1984). Simulation of potato crop growth and development. *Crop Sci.*, 24, pp. 21-27.

- Infocenter, (2009). Análisis de Benchmarking. Tendencias de Mercado y Modelos de Negocios. Productos Gourmet. Ministerio de Agricultura. Chile. Ref.:1376_2009-06-15.
- Informe Eco Papa Andina. (2013). Panorama Jujeño. Recuperado de: <http://www.panoramajujujuy.com.ar/index.php/10-secciones/3006-informe-eco-papa>
- Inostroza F., Juan, Méndez L., Patricio y Sotomayor T., Lorena (Nov 2009) Botánica y morfología de la papa [en línea]. Temuco: Boletín INIA - Instituto de Investigaciones Agropecuarias. no. 193.
- Iritani, WM, LD Weller y Knowles,NR (1983). Relaciones entre el número de tallos, la formación de tubérculos y el rendimiento de las papas Russet Burbank. American Potato Journal 60: 423–431.
- Ispizúa VN, Guma IR, Feingold S, Clausen AM (2007). Genetic diversity of potato landraces from northwestern Argentina assessed with simple sequence repeats (SSRs). Genet. Resour. Crop Evol. 54:1833-1848.
- Jimenez, M E, Rossi A, Samman N. (2007). Instituto Superior de Investigaciones Biológicas (INSIBIO) - Dpto. Bioquímica de la Nutrición - Fac. Bioquímica, Química y Farmacia - Univ. Nac. Tucumán. Tucumán, Argentina. La alimentacion Latinoamerica N° 268.
- Jones, N., Ougham, H., Thomas, H. (1997). Markers and mapping: we are all geneticists now. New Phytology 137, 165-177.
- Kearsey MJ, Pooni HS (1996). The genetical analysis of quantitative traits. Stanley Tormes. 381p.
- Francis, T. R, Kannenberg, L. W. (1978) Yield stability studies in shortseason maize. I. A descriptive method for grouping genotypes. Can. J. Plant Sci. 58:1029-1034.
- Kaiser, C. C. (1961). México en la Primera Conferencia Panamericana. Historia Mexicana, 11(1), 56-80.
- Kearsey, M. J., Pooni, H. S., & Bulmer, M. (1996). The Genetical Analysis of Quantitative Traits. Genetical Research, 68(2), 183.
- Khush, GS (2005). Variedades IR y su impacto . En t. Res. de arroz. Inst..

- Kosev, V., Pachev, I., Angelova, S. y Mikić, A. (2012). Herencia de rasgos cuantitativos en cruces entre dos subespecies de *Pisum sativum* con particular referencia a su valor de cría. *Revista rusa de genética*, 48 (1), 41-46.
- Kozub, P. C., Ibañez, V.N., Digilio, A., Atencio, H.M. (2019). Reservas Genéticas de especies silvestres de papa en Áreas Protegidas: notas de prospección del Parque Nacional Los Cardones, Salta, Argentina. Reservas Genéticas de especies silvestres de papa en Áreas Protegidas. (D. IBAM, Ed.) Rev. FCA UNCUIYO, Tomo 51(2), 461-474.
- Kujal, S., Chakrabarti, S.K., Pandey, S.K., Khurana S. (2005). Genetic Divergence in Tetraploid potatoes (*Solanum tuberosum* ssp. *tuberosum*) as revealed by rapid vis-à-vis morphological markers Potato J. 32 (1 - 2): 17-27.
- Kusano, H., Ohnuma, M., Mutsuro-Aoki, H., Asahi, T., Ichinosawa, D., Onodera, H., et al. (2018). Establishment of a modified CRISPR/Cas9 system with increased mutagenesis frequency using the translational enhancer dMac3 and multiple guide RNAs in potato. *Scientific Reports* 8, 13753. doi:10.1038/s41598-018-32049-2.
- Landeo, J.A., Hanneman, R.E. Jr (1982). Heterosis and combining ability of *Solanum tuberosum* group *Andigena* haploids. *Potato Res* 25:227–237.
- Lechnovich, V.S. (1971). Cultivated potato species. pp. 41-304. En: Leningrad, Rusia.
- Lehretz, G., Sonnewald, S., Hornyik, C., Corral, J.M. y Sonnewald, U. (2019). La regulación postranscripcional de FLOWERING LOCUS T modula el desarrollo de fuente-sumidero dependiente del calor en papa. *Biología actual*, 29 (10), 1614-1624.
- Lynch D.R., Kozub G.C., Kawchuk L.M. (2001). The relationship between yield, mainstem number and tuber number in five maincrop and two earlymaturing cultivars. *American Journal of Potato Research* 78(2):83-90.
- Lung'aho C, Chemining'wa GN, Fu Y-B, Shibairo SI, Hutchinson MJ, Paniagua HG (2011). Genetic diversity of Kenyan potato germplasm revealed by simple sequence repeat markers. *Am. J. Potato Res.* 88:424-434.
- Luthra, S.K., Sharma, P.C., Gopal, J., Khurana, S.M.P., Pandey, S.K. (2001) Inter-relationships between genetic parameters for tuber yield in potato. *J Ind Potato Assoc* 28:15–17.
- Luthra, S.K., Gopal, J., Sharma, P.C. (2005) Genetic divergence and its relationship with heterosis in potato. *Potato J* 32:37–42.

- Luthra, S.K., Sharma, P.C., Gopal, J. (2006). Identification of superior parents and crosses in potato (*Solanum tuberosum*) by combining ability analysis. *Ind J Agric Sci* 76:205–208.
- Luthra, S.K. (2006). Selection of superior parents and crosses based on progeny mean and heterosis in potato. *J Hortic Sci* 35:306–309.
- Mahgoub H.A.M., Eisa G.S.A., Youssef M.A.H (2015). Molecular, biochemical and anatomical analysis of some potato (*Solanum tuberosum* L.) cultivars growing in Egypt. *Journal of Genetic Engineering and Biotechnology*, 13, 39–49
- Malosetti, M., Voltas, J., Romagosa, I., Ullrich, SE y Van Eeuwijk, FA (2004). Modelos mixtos que incluyen covariables ambientales para estudiar QTL por interacción ambiental. *Euphytica* , 137 (1), 139-145.
- Mallu, T.S., Mwangi, S.G., Nyende, A.B., Ganga Rao, N.V.P.R., Odeny, D.A., Rathore, A., Kumar, A. (2014). Assessment of genetic variation and heritability of agronomic traits in chickpea (*Cicer arietinum* L.). *International Journal of Agronomy and Agricultural Research* 5, 76-88.
- Marcucci Poltri, Susana N. (1998). Caracterización molecular y cariotípica de la variabilidad genética de germoplasma argentino de *Solanum* L. Facultad de Ciencias Exactas y Naturales. Universidad de Buenos Aires.
http://digital.bl.fcen.uba.ar/Download/Tesis/Tesis_3072_MarcucciPoltri.pdf
- Marquez, M. M. (1988). Utilization of azolla as organic fertilizer for cabbage and white potato.
- Mateus Rojas, K. D. (2020). El cultivo de papa pastusa (*Solanum tuberosum* subespecie *andigena*) como alternativa productiva en la agricultura familiar del corregimiento La Granja (Sucre, Santander). Retrieved from.
https://ciencia.lasalle.edu.co/ingenieria_agronomica/201.
- Matsubayashi, M. (1991) Phylogenetic relationships in the potato and its related species. In: Tsuchiya T, Gupta PK (eds) *Chromosome engineering in plants: genetics, breeding, evolution*. Part B. Elsevier, Amsterdam, pp 93–118
- May, W. E., Brandt, S. A., Gan, Y., Kutcher, H. R., Holzapfel, C. B. & Lafond, G. P. (2010). Adaptation of oilseed crops across Saskatchewan. *Canadian Journal of Plant Science*, 90(5), 667–677

- McPhee, K. (2003). Dry pea production and breeding - A mini review. *Journal of Food, Agriculture and Environment* 1, 64-66.
- Mendoza, H.A., Haynes, F.L. (1974). Genetic basis of heterosis for yield in autotetraploid potato. *Theor Appl Genet* 45:21–25.
- Mendoza, H.A. (1984). Selection for parental stocks for heat tolerance and earliness. In : Report of the Planning Conference on Utilization of the Genetic Resources of the PotatoIV. CIP, Lima-Peru. 17.
- Mendoza, Humberto A. (2008). Aspectos Genéticos en el Mejoramiento de Papas Autotetraploides ($2n = 4x = 48$). En *Revista Latinoamericana de Genética*. Segunda Época. Vol. 1 N°. pp: 44-61.
- Meyer R, Milbourne D, Hackett V, Bradshaw V, Nicol JW Mc, Waugh R (1998) Linkage analysis in tetraploid potato and association of markers with quantitative resistance to late blight (*Phytophthora infestans*). *Mol Gen Genet* 259:150–160.
- Milbourne D, Meyer R. C., Collins A. J, Ramsay L. D. , Gebhardt C., Waugh R. (1998). Isolation, characterisation and mapping of simple sequence repeat loci in potato. *MGG259* (3): 233-245.
- Milton P. J., Allen S. D. (1995). *Breeding Field Crops*. Iowa State University Press, Ames, Iowa, USA. 494 p.
- Monteros, C; Reinoso, I. (2011). Informe final del Proyecto FTG-353/05. Innovaciones tecnológicas y mercados diferenciados para productores de papas nativas. FONTAGRO, INIAP, Quito, EC. 40 p. Quito. 144 p.
- Monteros, C; Yumisaca, F; Andrade-Piedra, J; Reinoso, I. (2011). *Papas Nativas de la Sierra Centro y Norte del Ecuador: Catálogo etnobotánico, morfológico, agronómico y de calidad*. INIAP, Centro Internacional de la Papa. Quito. 144 p.
- Mok, D.W.S., Peloquin, S.J. (1975). Breeding value of $2n$ pollen (dihaploids) in tetraploid x diploid crosses in potatoes. *Theor Appl Genet* 46:307–314.
- Montgomery, D.C., Peck, E.A. y Vining, G. (2003). *Introduction to linear regression analysis*. New York: John Wiley & Sons, Inc.

- Morales-Puentes, M.E. (2021). Morfología del tubérculo-material nativo “Chaucha botella”.
- Morris, WL y Taylor, MA (2019). Mejorar el sabor para aumentar el consumo. *American Journal of Potato Research*, 96 (2), 195-200.
- Muchut, R. (2017). “Análisis de la producción de Papa Andina de las Provincias de Salta y Jujuy con posibilidad de exportación al mercado español”. Tesis de Grado: Licenciatura en Comercio Internacional. Universidad Católica de Salta.
- Muthoni J., Shimelis H., Melis R. (2014). Study of genetic relationship among Kenyan cultivated potato clones using SSR markers. *Rev Aust J Crop Sci.*; 8(4), 502.
- Nagy, S., Poczai, P., Cernák, I., Gorji, AM, Hegedűs, G. y Taller, J. (2012). PICcalc: un programa en línea para calcular contenido de información polimórfica para estudios de genética molecular. *Genética bioquímica*, 50 , 670-672.
- Newbury, H.J., Ford-Lloyd, B.V. (1997). Estimation of genetic diversity. In: Maxted N, Ford-Lloyd BV, Hawkes JG (eds) *Plant genetic conservation. The in situ approach*. Chapman & Hall, London.
- Ochoa, C.M. 1990. *The potatoes of South America: Bolivia*. Cambridge University Press, Cambridge, UK.
- Ochoa, C. M. (1999). *Las papas de sudamerica: Peru*. International Potato Center.
- Okada, K. A. (1976). Exploration, conservation and evaluation of potato germplasm in Argentina. Short communication. *Potato Res.* 19:263 269.
- Orona-Castro F., V. Pecina-Quintero, A. Rocha-Peña, M. A. Cadena-Hinojosa, O. O. Martínez-de-la-Vega y I. H. Almeyda-León (2006) Caracterización molecular de genotipos comerciales y elite de papa. *Agricultura Técnica en México* 2:171-180
- Pacheco A, Vargas M, Alvarado G, Rodríguez F, López M, Crossa J, Burgueño J. (2017). GEAR (Genotype x Environment Analysis whit R for Windows.) Version 4.0. International Maize and Wheat Improvement Center. <http://hdl.handle.net/11529/10203>
- Park, H.J., Lee, G.B. , Cheon, C.G., Choi, J.G., Seo, J.H., Im, JS, ... y Chang, D.C. (2022). Efecto del tipo de contenedor de la planta en el crecimiento y rendimiento de papa de semilla

(*Solanum tuberosum* L.) en cultivos de sustrato. Investigación de la papa , 65 (1), 105-117.

Peña Cervera, M.A., Kosub, P.C., Marfil, C. F. (2020). Caracterización morfológica y comportamiento reproductivo de poblaciones de *Solanum brevicaule* del parque nacional los cardones, Salta, Argentina. Tesina. Facultad de Ciencias Agrarias. UNCUIYO.

Picca, A., Helguera, M., Salomón, N., & Carrera, A. (2004). Marcadores moleculares. Biotecnología y Mejoramiento Vegetal. Buenos Aires, Argentina. Ediciones INTA, 61-68.

Pinzón Correa, C. A. (2016). Estimación del requerimiento hídrico para los cultivos de papa, maíz y fresa en la cuenca del Río Bogotá, simulando la respuesta hidrológica bajo escenarios de variabilidad climática" El Niño" y" La Niña".

ProChile (2011). Estudio de Mercado Gourmet en México. Documento elaborado por la Oficina Comercial de ProChile en Ciudad de México. www.prochile.cl

Provan J, Powell W, R. Waugh. (1996). Microsatellite analysis of relationships within cultivated potato (*Solanum tuberosum*). Theor Appl Genet 92: 10781084. 227

Pulido, M. S., Contrera, G., Perea, J., Vildoza, J. (2016). Caracterización a través de descriptores morfológicos de nueve variedades de papa andina de Catamarca, Argentina. *Biología en Agronomía* 6 (1): 7-22. ISSN 1853-5216

Quiros, C. F., S. B. Brush, D. S. Douches, K.S. Zimmerer, and G. Huestis. (1990). Biochemical and folk assessment of variability of Andean cultivated potatoes. *Economic Botany* 44: 254–266

Quishpe Torres, R. G. (2017). Caracterización morfológica de dos clones de papa (*Solanum tuberosum* L.), en la provincia de Pichincha e Imbabura (Bachelor's thesis, Quito: UCE).

Redden, R.J., Chen, W., & Sharma, B. (2005). Chickpea Breeding and Management. United Kingdom: CABI.

Rocha E A, L V Paiva, H H de Carvalho, C T Guimaraes (2010) Molecular characterization and genetic diversity of potato cultivars using SSR and RAPD markers. *Crop Breed. Appl. Biotechnol.* 10:204-210.

- Rodriguez, E., (2009). Teorías sobre la clasificación taxonómica de las papas cultivadas (*Solanum* L. secc. *Petota* Dumort.). *Agronomía Colombiana* 27(3), 305-312.
- Rodriguez, Luis (2010a). Origen y evolución de la papa cultivada. Una revisión. *Agronomía Colombiana*, vol. 28, núm. 1, enero-abril, 2010, pp. 9-17. Universidad Nacional de Colombia. Bogotá, Colombia.
- Rodríguez, L. (2010b). Ecofisiología del cultivo de la papa (*Solanum tuberosum* L.). *Revista Colombiana de Ciencias Hortícolas* 4: 97-108.
- Rodríguez-González, R. E., Ponce-Medina, J. F., Rueda-Puente, E. O., Avendaño-Reyes, L., Paz Hernández, J. J., Santillano-Cazares, J., & Cruz-Villegas, M. (2011). Interacción genotipo-ambiente para la estabilidad de rendimiento en trigo en la región de Mexicali, BC, México. *Tropical and subtropical agroecosystems*, 14(2), 543-558.
- Rosielle, A.y J. Hamblin. (1981). Aspectos teóricos de la selección por rendimiento en ambientes de estrés y no estrés. *Ciencia de cultivos* 21: 943–946.
- Ross, H. (1986). Potato breeding problems and perspectives. *Adv Plant Breed* 13:132
- Rowe, P.R. (1967). Performance and variability of diploid and tetraploid potato families. *Am Potato J* 44:263–271.
- Salas Murrugarra, E. (2007). Estudio de la variabilidad Genética de la resistencia al virus del enrollamiento de las hojas de la papa (PLRV) en una población de papas autotetraploides. Tesis. Mg. Sc. UNALM. 116pp.
- Salimi, H., Bahar, M., Mirlohi, A. y Talebi, M. (2016). Evaluación de la diversidad genética entre cultivares de papa de diferentes áreas geográficas utilizando los microsatélites genómico y EST. *Revista iraní de biotecnología*, 14 (4), 270.
- Sánchez MA.(2017) Estudio de la variabilidad genética en accesiones de papa (*Solanum tuberosum* L.) mediante marcadores SSRs. *Rev. Cien. Agri.* 14(2): 67-76.
- Sanford, J.C., Hanneman, R.E. Jr (1982). A possible heterotic threshold in the potato and its implications for breeding. *Theor Appl Genet* 61:151–159.

- Santana Charles, Gaspar (1999). “Métodos de Mejoramiento Genético más Usados en Papa (*Solanum tuberosum* L.) en México.” Monografía. Buenavista, Saltillo, Coahuila, México. Mayo de 1999.
- Shapiro, S.S., Wilk, M.B. (1965). An analysis of variance test for normality (complete samples). *Biometrika* 52, 591–611.
- Sharma, A.K., Singh, S.P., Sharma, M.K. (2003). Genetic variability, heritability and character association in pea (*Pisum sativum* L.). *Crop Research* 26, 135-139.
- Shete, S., Tiwari, H. y Elston, RC (2000). Sobre la estimación del valor del contenido de información de heterocigosidad y polimorfismo. *Biología teórica de la población*, 57 (3), 265-271.
- Shukla, G.K. (1972). Algunos aspectos estadísticos de la partición genotipo-componentes ambientales de la variabilidad. *Herencia (Edinb.)* 29, 237–245. doi: 10.1038/hdy.1972.87.
- Silva, G.H. and Andrew, W.T. (1985). Variaciones de colina a colina en el rendimiento de tubérculos de papas en Alberta. *American Potato Journal* 62: 119–127.
- Smýkal, P., Horacek, J., Dostalova, R., Hybl, M. (2008). Variety discrimination in pea (*Pisum sativum* L.) by molecular, biochemical and morphological markers. *Journal of Applied Genetics* 49, 155-66.
- Sauzuk, S., (s/f). Geografía de Catamarca. <https://geografiacatamarca.blogspot.com>.
- Soukup, V. (1939). La Clasificación de las Papas del Departamento de Puno, Boletín Nro. 18, Dirección de Agricultura y Ganadería del Ministerio de Fomento, La Molina, 72p.
- Spanoghe Martin, Marique Thierry, Nirsha Alexandra, Esnault Florence, Lanterbecq Deborah (2022). Ecuadorian potato landraces: traditional names and genetic identity. *Revista Fitotecnia Mexicana*, vol. 40, núm. 4, pp. 481-489, 2017. *Genetic Diversity Trends in the Cultivated Potato: A Spatiotemporal Overview. Biology-Basel*, 11 (4), pp.604. 10.3390/biology11040604. hal-03660680.
- Spitters, C.J.T. y Ward, S.A. (1988). Evaluación de estrategias de mejoramiento para la resistencia a los nematodos del quiste de la papa utilizando un modelo dinámico de población. *Euphytica*, 39 (3), 87-98.

- Spooner, D.M. y R.G. van den Berg. (1992). An analysis of recent taxonomic concepts in wild potatoes (*Solanum* section *Petota*). *Genet. Res. Crop Evol.* 39, 23-37.
- Spooner, D., Clausen A. (1993). Wild potato (*Solanum* secc. *Petota*) germplasm collecting expedition to Argentina in 1990 and status of Argentinian potato germplasm resources. *Potato Research* 36 (1993) 3 -12.
- Spooner, D.M. y W.L.A.Hetterscheid. (2005). Origins, evolution, and group classification of cultivated potatoes. pp. 285-307. En: Motley, T.J., N. Zerega y H. Cross (eds.). *Darwin's harvest: new approaches to the origins, evolution, y conservation of crops*. Columbia University Press, NY.
- Spooner, D.M. y A. Salas. (2006). Structure, biosystematics, and genetic resources. pp. 1-39. En: Gopal, J. y S.M.P. Khurana (eds.). *Handbook of potato production, improvement, and postharvest management*. Haworth's Press, Inc., Binghampton, NY.
- Spooner, D.M., D. Fajardo y G.J. Bryan. (2007). Species limits of *Solanum berthaultii* Hawkes and *S. tarijense* Hawkes and the implications for species boundaries in *Solanum* secc. *Petota*.
- Spooner DM, Nuñez J, Trujillo G, Herrera MR, Guzmán F, Ghislain M (2007). Extensive simple sequence repeat genotyping of potato landraces supports a major reevaluation of their gene pool structure and classification. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 104:1939819403.
- Spooner, D., Rodríguez, F., Polgár, Z., Ballard, H., Jansky, S. (2008). Genomic origins of potato polyploids: GBSSI gene sequencing data. *The plant genome. A Supplement to Crop Science* 48(S1), S27-S36.
- Sulli, M., Mandolino, G., Sturaro, M., Onofri, C., Diretto, G., Parisi, B. y Giuliano, G. (2017). Caracterización molecular y bioquímica de una colecta de papa con contenido contrastante de carotenoides en tubérculos. *PLoS One*, 12 (9), e0184143.
- Sukhotu, T. y K. Hosaka (2006). Origin and evolution of Andigena potatoes revealed by chloroplast y nuclear dna markers. *Genome* 49, 636-647.
- Suwarto and Nasrullah. (2011). *Rice Sci* 2011;18(1): 75 – 78.
- Tenorio-Bautista, S. M., & De La Cruz Marcos, R. N. (2019). Análisis de la diversidad de papas (*Solanum* spp.) con marcadores moleculares microsatélite de los distritos de Secclla y

Santo Tomás de Pata (Huancavelica) y Santillana (Ayacucho). *Journal of the Selva Andina Research Society*, 10(1), 4-15.

Thompson, R. & Taylor, H. (1974). Estudios de densidad y maduración de tallos con los cultivares de papa Maris Peer y Pentland Marble. *Investigación de la papa* 17: 51–63.

Thompson, P.G. and Mendoza, H.A.. (1984). Genetic Variance Estimates in a Heterogeneous Potato Population Propagated from True Seed. *Am. Potato J.* pp. 61: 697 -702.

Terrazas, F., Valdivia, G. (1998). Spatial dynamics of in situ conservation: handling the genetic diversity of andean tubers in mosaic systems. *Plant Genetic Resources Newsletter* 114, 9-15.

Terrazas, A.F., Baudoin, J.P., Gonzalo, D.P. (2007). Procesos dinámicos locales para la conservación in situ de la diversidad genética de tubérculos andinos cultivados en el microcentro de Candelaria (Cochabamba, Bolivia). En: *Plant Genetic Resources Newsletter* 152: 1-11.

Tiwari, G.; Lavanya, G.R. (2012). Genetic variability, character association and component analysis in F4 generation of fieldpea (*Pisum sativum* var. *arvense* L.). *Karnataka Journal of Agricultural Sciences* 25, 173-175.

Torres, G. J. (1997). Estudio cuantitativo del Potencial Genotípico del Rendimiento de Cultivares de Papas Nativas andígena. *Revista latinoamericana de la Papa*, 9(10), 49-59.

Toxopeus, H.J. y Huijsman, C.A. (1952). Antecedentes genotípicos de resistencia a *Heterodera rostochiensis* en *Solanum tuberosum*, var. *andigenum*. *Naturaleza*, 170 (4337), 1016-1016. van den BERG, R.G.; JACOBS, M.M.J. 2007. Molecular Taxonomy. In: Vreugdenhil D. ed. *Potato Biology and Biotechnology: advances and perspectives*. Elsevier. Amsterdam. pp. 55-76.

Van den Berg, R.G. y M.J. Jacobs. (2007). Capítulo 4: Molecular taxonomy. pp. 55-74. En: Vreugdenhil, D. (ed.). *Potato biology and biotechnology advances and perspectives*. Elsevier, Amsterdam.

Van Hintum, T.J.L.; van Treuren, R. (2002). Molecular markers: tools to improve genebank efficiency. *Cellular & Molecular Biology Letters*. 7: 737-744.

- Van Treuren R, van Soest LJM and van Hintum ThJL (2001). Marker-assisted rationalisation of genetic resources collections: a case study in flax using AFLPs. *Theoretical and Applied Genetics* 103: 144 –152.
- Wang, S., Zhang, S., Wang, W., Xiong, X., Meng, F., and Cui, X. (2015). Efficient targeted mutagenesis in potato by the CRISPR/Cas9 system. *Plant Cell Reports*. doi:10.1007/s00299-015-1816-7.
- Winter, P., Kahl, G. (1995). Molecular marker technologies for plant improvement. *World Journal of Microbiology & Biotechnology* 11, 438-448.
- Wolski, E., Korgan, S., Capezio, S., Huarte, M., & Andreu, A. (2009). Biochemical markers involved in horizontal resistance to *Phytophthora infestans* in potatoes. *Potato II. Fruit, Vegetables and Cereal Science and Biotechnology*, 3, 89-94.
- Wricke G, Weber WE (1986) Quantitative genetics and selection in plant breeding. Walter de Gruyter, Berlin.
- Wurr, DCE, (1974). Algunos efectos del tamaño de la semilla y el espaciamiento en el rendimiento y clasificación de dos variedades de papa de cultivo principal. I. Rendimiento final y su relación con la población de plantas. *Revista de Ciencias Agrícolas*, Cambridge 82: 37–45.
- Yan ,W. and Racjan I. (2002). *Crop Sci* 2002;42 : 11-20.
- Yasmin S., M. S. Islam, M. Kondoker, M. Nasiruddin and S. Alam (2006). Molecular characterization of potato germplasm by Random Amplified Polymorphic DNA markers. *Biotechnology* 5:27-31.
- Yujó D., Sarmiento F., Álvarez M., Brochero H., Gebhardt C., Mosquera T. (2015). Genetic diversity and population structure in diploid potatoes of group Phureja. *Rev Crop Sci. ;* 55(2): 760-769.
- Zarantes, L. V. M. N., Meneses, L. S. B., Rodríguez, F. E. E., Álvarez, J. J. C., & Rocha, J. F. M. (2020). Aplicación de la edición génica en la agricultura para América Latina y el Caribe.

- Zheng S-L, Wang L-J, Wan N-X, Zhong L, Zhou S-M, He W and Yuan J-C (2016). Response of Potato Tuber Number and Spatial Distribution to Plant Density in Different Growing Seasons in Southwest China. *Front. Plant Sci.* 7:365. doi: 10.3389/fpls.2016.00365.
- Zobel, B. y Talbert, J. (1984). *Mejora aplicada de árboles forestales*. John Wiley e hijos.
- Zobel, R.W.; Wright, M.J.; Gauch, H.G. (1988). Statistical analysis of a yield trial. *Agron. J.* 80:388-393.
- Zong, Y., Song, Q., Li, C., Jin, S., Zhang, D., Wang, Y., et al. (2018). Efficient C-to-T base editing in plants using a fusion of nCas9 and human APOBEC3A. *Nature Biotechnology* 36, 950.
- Zúñiga López, L. N. (1989). *Determinación de componentes de variancia genética en una población avanzada de papas autotetraploides*. Tesis Mg. Sc. , UNALM. 96pp