

DESARROLLO DE UNA COLECCIÓN NÚCLEO DE LA COLECCIÓN DE PAPA CULTIVADA (*Solanum ssp.*) DEL BANCO DE GERMOPLASMA DE RAICES Y TUBÉRCULOS ANDINOS DE BOLIVIA

Gonzalo Durán Pacheco*; Ximena Cadima** y José Zeballos**.



* *Biólogo – Estadístico.* Centro de Estadística Aplicada CESA, Universidad Mayor de San Simón, Cochabamba Bolivia.

** Fundación para la Promoción e Investigación de Productos Andinos, PROINPA, Cochabamba Bolivia.

RESUMEN

Con la finalidad de hallar un número reducido de fenotipos que representen la máxima variabilidad genética de la colección de papa cultivada del banco de germoplasma de Tubérculos y Raíces y Andinas de Bolivia, con el que se pueden incrementar las evaluaciones es que se propuso desarrollar una colección núcleo en base a 21 características morfológicas. Se realizó una subdivisión de la colección original según especie. Se identificaron y separaron accesiones duplicadas para proseguir con la selección de accesiones. El número de accesiones dentro cada grupo así como la selección de accesiones fue ejecutado mediante el método PCSS (Principal Component Scores Strategy) para variables cualitativas. Se evaluó la representatividad de la colección núcleo al compararla vs la colección original en medias, varianzas y distribución de frecuencias. Se encontró una colección núcleo de 256 accesiones (17.6%) que representa de forma apropiada la diversidad genética de 5 de las 7 especies del germoplasma de papa cultivada de la colección original; las otras dos, deben seguir una segunda etapa de selección reajustando los procedimientos de selección.

INTRODUCCIÓN.

Bolivia conjuntamente con otros países de la zona andina comparte el privilegio de ser centro de origen de la papa. En este país se reporta la existencia de 7 especies cultivadas y 31 especies silvestres (Ochoa, 1990). La mayor concentración de diferentes morfotipos y niveles de ploidía de papa se halla en la zona circunlacustre del lago Titicaca de Bolivia y Perú; sin embargo, también se ha encontrado una diversidad considerable en otras regiones del área andina, en los llamados microcentros de diversidad, tales como la zona de Colomi, (provincia Chapare, Cochabamba), Llallagua (Norte de Potosí), entre otros.

La diversidad de papa cultivada en Bolivia es conservada en el Banco de Germoplasma de Tubérculos y Raíces Andinas custodiado por la Fundación para la Promoción e Investigación de

Productos Andinos (PROINPA) por mandato del estado boliviano. Esta colección ha incrementado su número de accesiones llegando hasta más de 1600, correspondientes a las 7 especies cultivadas nativas: *S. tuberosum ssp. andigena*, *S. phureja*, *S. goniocalyx*, *S. stenotomum*, *S. x ajanhuiri*, *S. x curtilobum* y *S. x juzepczuquii*, provenientes de 7 departamentos del país. La conservación de la colección de papa se conduce en base a un proceso cíclico que comprende desde el desarrollo y evaluación de las accesiones en campo, invernadero, *in vitro*, y almacenamiento, los que garantizan al final del proceso, la sanidad, limpieza y viabilidad de las accesiones. Evidentemente el manejo y aprovechamiento de este germoplasma se ha hecho dificultoso con el incremento del número de accesiones (Reporte anual de PROINPA, 2002-2003). El desarrollo de actividades relacionadas con el mantenimiento como el almacenamiento, la regeneración, caracterización, evaluación, documentación, monitoreo de la viabilidad del material así como su disseminación para múltiples usos, han incrementado con el tamaño de la colección. Por otro lado, la existencia de accesiones duplicadas, ligada al tipo de reproducción del cultivo o a la sobre-representación de variedades cultivadas, contribuye a un gasto de material y de esfuerzos innecesario que podría ser ahorrado al identificarse dichas accesiones.

Ante el problema del constante aumento de talla de las colecciones de germoplasma reportado desde mediados de los años 80 (Holden, 1984, citado por Hamon, *et al*, 1998), Frankel y Brown (1984) resaltaron la necesidad de conformar colecciones manejables de menor talla, que representen la diversidad genética de la colección original y minimicen la repetitividad y redundancia de accesiones. En ese sentido, nació la noción de *colección núcleo*, cuya aplicación llegó a ser extensamente aceptada en bancos de germoplasma de todo el mundo. Su definición evolucionó llegando a reflejar en la actualidad principalmente, la diversa gama de usos y aplicaciones de la colección, acomodándose al uso diario del material de los bancos de germoplasma (Brown, 1995). De esta manera, se concibe ahora una colección núcleo

como un subconjunto de accesiones que manifiestan de forma óptima una diversidad genética especificada (Van Hintum, 1999).

Múltiples investigaciones se han realizado con el fin de optimizar aspectos metodológicos en la formación de colecciones núcleo, como: El tamaño de la colección núcleo, estrategias de muestreo, estrategias de selección de accesiones, métodos de análisis de la diversidad genética, etc; de los que se pueden rescatar principalmente los siguientes aspectos: i) Existe un aumento importante en la eficiencia de la representatividad de la diversidad al estratificar las accesiones de la colección original, en grupos de accesiones, ya sea según sus similitudes taxonómicas, geográficas, agronómicas u otras (Spagnoletti & Qualset, 1993; Brown, 1995; Yonezawa, *et al.*, 1995; Van Hintum, 1999; Van Hintum, 2000). ii) El tamaño óptimo de la colección núcleo es inversamente proporcional a la talla de la colección original (Brown, 1989; Upadhyaya & Ortiz, 2001), siendo recomendable entre el 5 – 20 % de la colección original (Van Hintum, 1999; 2000), donde el tamaño de la muestra para cada grupo o subgrupo establecido puede ser proporcional a la talla del(os) mismo(s), proporcional al logaritmo de la talla del(os) mismo(s), o proporcional al grado de diversidad genética de los mismos (Brown, 1989; Yonezawa, *et al.*, 1995; Grenier, *et al.*, 2001; Chandra, *et al.*, 2002). iii) Una selección aleatoria de accesiones, puede representar la diversidad genética de forma apropiada (Brown, 1989); sin embargo, estrategias de selección no aleatorias basadas en la maximización de la distancia entre accesiones o distancia de estas a la accesión promedio, han reportado ser más eficaces (Hamon, *et al.*, 1995; Hamon, 1998; Skinner, *et al.*, 2000; Grenier, *et al.*, 2000a; Grenier, *et al.*, 2000b). iv) La aplicación de metodologías de análisis de la diversidad genética y la selección de accesiones, dependen del tipo de datos con que se cuente, es decir la forma como se evalúe y se analice la diversidad genética (Mohammadi & Prasama, 2003), pudiendo emplearse caracteres morfológicos cualitativos, por su fácil evaluación y representatividad de la diversidad genética (Van Hintum, 1995; Huaman, *et al.*; 1999a; 1999b; Ortiz, *et al.*, 1999; Huaman, *et al.*, 2000), siendo recomendable la utilización de características lo más cercanas posible de la caracterización del DNA (marcadores moleculares), no así datos cuantitativos por tener una base genética compleja, además de representar estos en gran medida la adaptabilidad a factores ambientales (Van Hintum, 1995; Van Hintum, 2000), a no ser que se usen valores genéticos calculados a partir de modelos genéticos apropiados para la caracterización de accesiones previa agrupación de estas y selección de una estrategia de muestreo apropiada (Hu, *et al.*, 2000).

Tomando en cuenta todas esas consideraciones, se propuso desarrollar una colección núcleo de la colección de papa cultivada del banco de germoplasma de PROINPA, con el propósito de

identificar accesiones duplicadas y de obtener una máxima representación de la diversidad genética de las 7 especies cultivadas, evaluada en base a 20 descriptores morfológicos.

MATERIALES Y MÉTODOS

De un total de 1612 accesiones documentadas en el banco de germoplasma de Tubérculos y Raíces andinas de PROINPA, se seleccionó 1463 por poseer una completa descripción de datos morfológicos y de pasaporte. Estas se separaron en 7 grupos de acuerdo a especie (cuadro 1) y fueron sometidas a un análisis exploratorio tanto a nivel uni como multivariado (análisis de distribución de momentos muestrales, de frecuencias así como un Análisis de Componentes Principales sobre los códigos de las características morfológicas), para la detección de inconsistencias y su posterior corrección. No se consideró *S. phureja* por existir solo una accesión de esa especie. Se realizó la detección de accesiones duplicadas en base al programa selección de duplicados 'elimredo' y su macros respectivo proporcionados de forma libre vía Internet por el IRD^φ. Un resumen del número de accesiones duplicadas se encuentra en el cuadro 1.

Luego de la identificación de duplicados se procedió a la selección de accesiones de la colección núcleo en base al procedimiento *Principal Component Scoring Strategy* (PCSS) para variables categóricas (Hamon, *et al.*, 1998); es decir, un Análisis Factorial de Correspondencias Múltiple (AFCM) sobre una matriz binaria construida a partir de las 21 características morfológicas (Cuadro 3), de donde se escogieron las primeras accesiones con las más altas contribuciones relativas a la suma de cuadrados generalizada, de manera que se logre explicar al menos 60 % de la variabilidad fenotípica.

Los resultados de la selección de accesiones fueron evaluados por comparación de la colección original con la colección núcleo mediante comparaciones de medias (prueba de t-student), de varianzas (prueba de homogeneidad de varianzas de Levene) y pruebas de bondad de ajuste (Likelihood ratio).

Cuadro 1. Número de accesiones duplicadas encontradas en las 7 especies de papa.

Especie	Nº total de Accesiones	Accesiones Duplicadas
<i>S. goniocalyx</i>	6	3
<i>S. stenotomum</i>	147	3
<i>S. tuberosum ssp. andigena</i>	839	91
<i>S. tuberosum ssp. tuberosum</i>	61	6
<i>S. x ajanhuiri</i>	96	11
<i>S. x curtilobum</i>	60	20
<i>S. x juzepczukii</i>	254	24
	1463	158

RESULTADOS

Se encontró una colección núcleo de 256 accesiones que representan el 17.6 % de la

^φ Institut de Recherche pour le Développement; Montpellier, France

colección de base (1463 accesiones) y un 19.6 % de la colección sin duplicados (Cuadro 2). La contribución relativa de las accesiones seleccionadas a la suma de cuadrados generalizada se detalla para cada una de las especies de la colección (Cuadro 2).

Cuadro 2. Número de accesiones sin duplicados de la colección de papa cultivada de PROINPA, accesiones de la colección núcleo y su contribución relativa a la diversidad.

Especie	Total	Colec. núcleo	% del total	Contribución relativa a la diversidad (%)
<i>S. goniocalyx</i>	3	3	100.0	100.0
<i>S. stenotomum</i>	144	39	27.1	60.2
<i>S. tuberosum ssp. andigena</i>	748	124	16.6	60.1
<i>S. tuberosum ssp. tuberosum</i>	55	15	27.3	64.7
<i>S. x ajanhuiri</i>	85	13	15.3	75.6
<i>S. x curtilobum</i>	40	14	35.0	68.4
<i>S. x juzepczukii</i>	230	49	21.3	67.1
Total	1305	256	19.6	

Por otro lado, la diversidad morfológica de las accesiones del germoplasma de papa cultivada de PROINPA en un espacio factorial a tres dimensiones definido por un ACP construido a partir de 21 características morfológicas, muestra un grado de representatividad apropiado de la colección núcleo (Figuras 1, 2 y 3). Al comparar la colección núcleo y la colección original en términos de medias, varianzas y de distribución de frecuencias, se observa una buena representatividad en las especies *S. goniocalyx*, *S. stenotomum*, *S. tuberosum ssp. tuberosum*, *S. x ajanhuiri* y *S. curtilobum*, por no existir diferencias significativas entre la colección núcleo vs la colección original en la mayor parte de las 21 características morfológicas; mientras que en *S. tuberosum ssp. andigena* y en *S. x juzepczukii* el número de variables con diferencias significativas es mayor (Cuadro 3).

En *S. goniocalyx*, las 3 accesiones escogidas de las 3 de la colección libre de duplicados, representan la totalidad de la diversidad de esta especie en la colección de PROINPA. En el caso de *S. stenotomum* las diferencias más importantes se observan a nivel de la forma rara del tubérculo y la distribución del color secundario de la pulpa, principalmente (Cuadro 3). *S. tuberosum ssp. andigena* en cambio, presenta diferencias significativas en 7, 9 y 13 variables de las 21 al comparar medias varianzas y distribución respectivamente (Cuadro 3). La colección núcleo de *S. tuberosum ssp. tuberosum* presenta diferencias en el color del tallo principalmente, al comparar distribuciones y varianzas, más ninguna diferencia al comparar medias. En *S. x ajanhuiri* no se observan diferencias significativas en la comparación de medias para ninguna de las características; sin

embargo, si se observan al comparar varianzas (11 variables) y distribuciones (5 variables) (Cuadro 3).

Figura 1. Diversidad morfológica de las accesiones de 7 especies de papa cultivada de la colección de PROINPA en un espacio factorial a tres dimensiones.

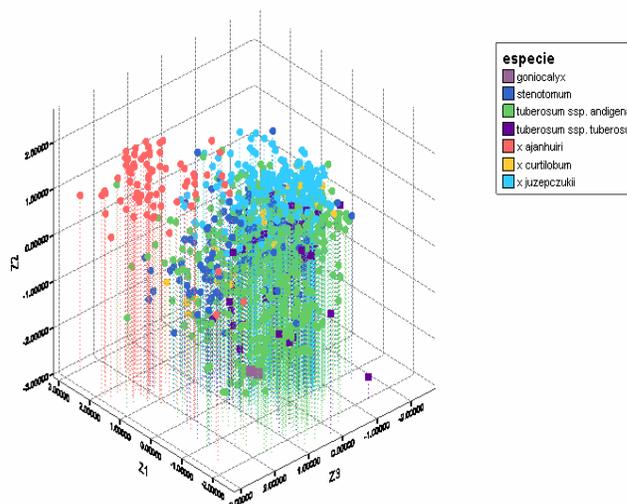
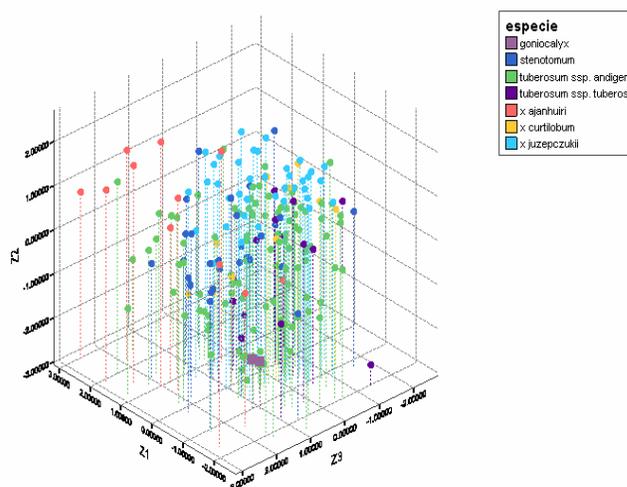
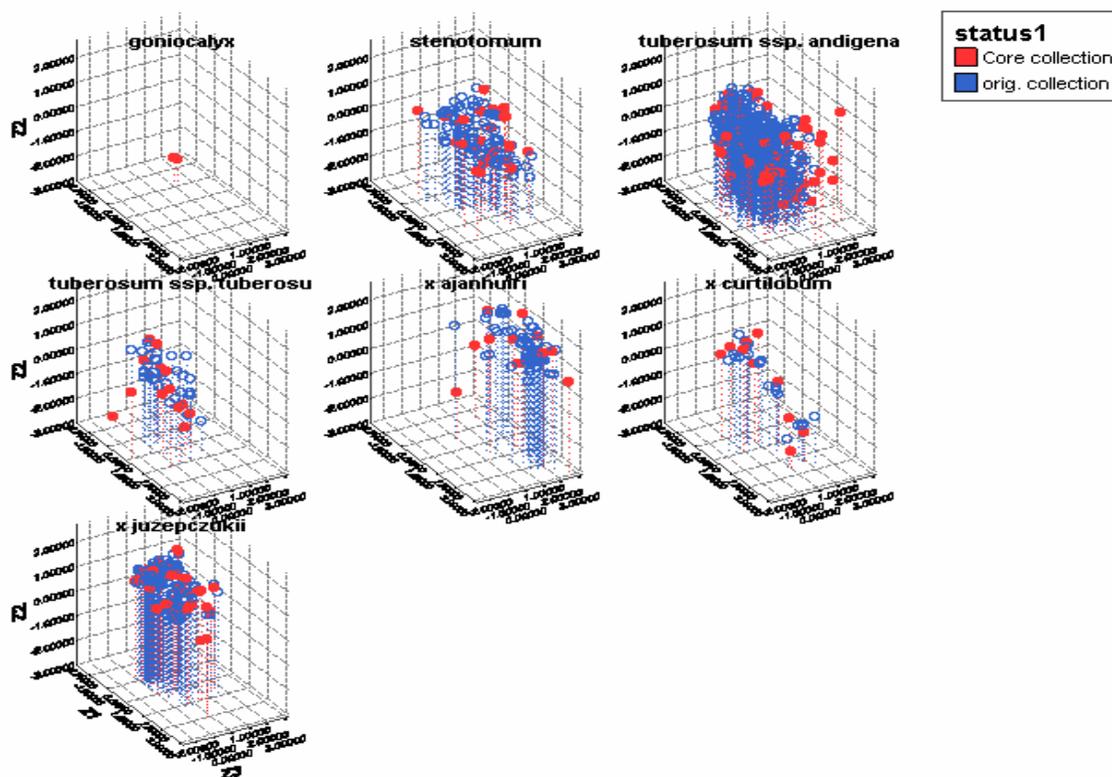


Figura 2. Diversidad morfológica de las accesiones de la colección núcleo en un espacio factorial a tres dimensiones.



S. x curtilobum muestra diferencias en la profundidad de los ojos, color secundario de la pulpa y disección de hojas, principalmente; aunque se observe que las varianzas sean estadísticamente diferentes en más variables (12 variables).

Figura 3. Diversidad morfológica de las accesiones de la colección original y de la colección núcleo de cada una de las 7 especies de papa cultivada, en un espacio factorial a tres dimensiones definido por un Análisis de Componentes Principales de 21 características morfológicas.



S. x juzepczukii es la especie con mayor grado de heterogeneidad observado entre la colección núcleo y la original. Son 9, 10 y 17 variables que difieren significativamente en medias, varianzas y distribuciones respectivamente, entre la colección núcleo de esta especie y la original.

DISCUSIÓN

Una de las principales actividades planificadas en la construcción de la colección núcleo fue la selección de duplicados. De manera general, es bien sabida la alta chance de conservar material duplicado en cultivos de propagación clonal como la papa (Sackville et al, 2002). Sin embargo, de un total de 1463 accesiones se lograron identificar 158 accesiones (11 %) distribuidas de manera diferente en las 7 especies de la colección. La identificación de duplicados en otras colecciones núcleo de papa tales como la del Centro Internacional de la Papa (CIP) reporta la existencia de mayor cantidad de accesiones redundantes. Huaman, et al (1999a) indican que de una colección de papa andígena de 10722 accesiones se logró reducir a 2379 accesiones sin dúplicas (78 % de duplicados). Esta alta cantidad de redundancias en la colección del CIP se explicaba

por la alta contribución por parte de diferentes fuentes tales como diferentes expediciones, donaciones de Organizaciones no Gubernamentales, selección de accesiones de agricultores en diferentes periodos, etc; las que a lo largo del tiempo incrementaron el tamaño de la colección y al mismo tiempo de los duplicados. Por un lado, la colección de PROINPA es resultado de la reunión de accesiones de número reducido de fuentes (principalmente colectas por expedición); por otro lado, el tiempo de vida de la colección de PROINPA es también menor al de la colección del CIP. Vale remarcar sin embargo, que el algoritmo automatizado de caracterización de duplicados utilizado en el presente trabajo se basa en la identificación de accesiones idénticas en todas las características estudiadas. Este método es evidentemente estricto, sobre todo al tratarse de evaluación de datos morfológicos. En ese sentido, se tiene en consideración complementar y mejorar la identificación de réplicas mediante análisis de similitud a través de otras evaluaciones tales como las moleculares.

El procedimiento de selección de accesiones así como del tamaño de la colección (PCSS) es altamente recomendado de acuerdo a reportes en varias colecciones núcleo (Hamon, et al, 1995; Noirot et al, 1996; Hamon et al, 1998; Grenier et al, 2000a,

2000b). Este procedimiento tiene la propiedad de seleccionar de forma iterativa accesiones con mayor contribución a la diversidad; es decir, lo más distantes del baricentro de la nube de un espacio multidimensional construido a través de análisis de tipo factorial tales como el ACP y el AFCM (para variables cuantitativas y cualitativas respectivamente). Un avance de este método respecto al uso de distancias clásicas en la selección de accesiones para la representatividad de la variabilidad, es que estas se calculan a partir de las nuevas coordenadas obtenidas de la construcción de los componentes principales (o dimensiones), otorgando el mismo peso a cada uno de los factores en estudio en la estimación de las distancias, ya que se trabaja de hecho sobre variables reducidas y completamente independientes. La buena representatividad de la variabilidad fenotípica hasta aquí reportada para las especies de la colección de PROINPA muestra este hecho (Figura 3); sin embargo, según las comparaciones estadísticas realizadas, los casos de *S. tuberosum ssp. Andigena* y *S. x juzepczuquii* no están aun suficientemente representados. Como se observa en los cuadros 1 y 2, estas especies son las que cuentan con mayor número de accesiones. Se piensa que el algoritmo de selección por su forma de proceder, da mayor chance de selección a las accesiones más extremas, por tener estas mayor contribución a la variabilidad general, y menor a las cercanas al baricentro, llegando estas últimas a ser sub-representadas. Este aspecto debería reflejarse en un análisis de distribución de frecuencias. La figura 3 muestra efectivamente que en *S. tuberosum ssp. Andigena* y *S. juzepczuquii*, las accesiones de la colección núcleo se posicionan en la parte exterior de la nube de puntos quedando un tanto 'pobre' la representatividad al interior de la nube. El análisis de distribución de frecuencias verifica este hecho, ya que la mayor parte de las diferencias significativas encontradas en estas especies se hallan al comparar distribuciones de frecuencias (diferencias estadísticas en 13 y 17 variables respectivamente; Cuadro 3). Desde ese punto de vista se tiene contemplado complementar este procedimiento de selección con el cálculo de distancias estandarizadas (coordenadas de los ejes factoriales de un ACP o un AFCM) entre todas las accesiones y no solo las distancias al centro de gravedad de la nube.

El presente trabajo refleja los resultados de la primera etapa de un propósito grande la implementación de un sistema de desarrollo y mantenimiento dinámico de una colección núcleo y de la colección completa de papa del Banco de Germoplasma de Tubérculos y Raíces Andinas custodiada por PROINPA. Consideramos que hasta aquí, la colección núcleo de PROINPA, ha dado un paso y cuenta con una colección núcleo inicial que representa de forma óptima la variabilidad de la colección original (salvo en las dos especies

mencionadas), que debe de seguro ajustarse y mejorar en las etapas subsecuentes.

REFERENCIAS

- Brown, A.H.D. 1989 The case for core collections. Pp. 136-156 in *The Use of Plant Genetic Resources* (A.H.D. Brown, O.H. Frankel, D.R. Marshall and J.T. Williams, eds.). Cambridge University Press, Cambridge, U.K.
- Brown, A.H.D. 1995 The core collection at the crossroads. Pp. 3-19 in *Core Collections of Plant Genetic Resources* (T. Hodgkin, A.H.D. Brown, Th.J.L. van Hintum and E.A.V. Morales, eds). John Wiley and Sons, U.K.
- Chandra, S.; Huaman, Z.; Krishma, H. S. & Ortiz, R. 2002 Optimal sampling strategy and core collection size of andean tetraploid potato based on isozyme data - a simulation study. *Theor Appl Genet*: 104:1325-1334.
- Diwan, N., M.S. McIntoch and G.R. Bauchan 1995 Methods of developing a core collection of annual *medicago* species . *Theor. Appl. Genet.* 90:755-761.
- Frankel, O.H. 1984 Genetic perspectives of germplasm. Pp. 161-170 in *Genetic Manipulation: Impact on Man an Society* (W.K. Arber, K. Llimensee, W.J. Peacock and P. Stralinger, eds.). Cambridge University Press, Cambridge, U.K.
- Greiner, C., P.J. Bramel-Cox, M. Noirot, K.E.Prasada Rao & P. Hamon 2000a Assessment of genetic diversity in three subsets constituted from the ICRISAT sorghum collection using random vs non-random sampling procedures A. using morpho-agronomical and passport data. *Theor. Appl. Genet.* 101:190-196.
- Greiner, C., P.J. Bramel-Cox, M. Noirot, K.E.Prasada Rao & P. Hamon 2000b Assessment of genetic diversity in three subsets constituted from the ICRISAT sorghum collection using random vs non-random sampling procedures B. using molecular markers. *Theor. Appl. Genet.* 101:197-202.
- Grenier, C.; Hamon, P.; & Bramel-Cox, P., J. 2001 Core Collection of Sorghum: II. Comparison of Three Random Sampling Strategies. *Crop Sci*: 41:241-246.
- Hamon, S.; M. Noirot & F. Anthony 1995 Developing a coffee core collection using the principal component score strategy with quantitative data. Pp. 117-126 in *Core Collections of Plant Genetic Resources* (T. Hodgkin, A.H.D. Brown, Th.J.L. van Hintum and E.A.V. Morales, eds). John Wiley and Sons, U.K.
- Hamon, S.; Dussert S, Deu M, Hamon P, Seguin M, Glaszmann JC, Grivet L, Chantereau J, Chevallier MH, Flori A, Lashermes P, Legnate H & Noirot M (1998) Effects of quantitative and qualitative principal component score strategies on the structure of coffee, rubber tree, rice and sorghum

- core collections. *Genet. Sel. Evol.* 30 (Suppl. 1):S237-S258.
- Hu, J., J. Zhu, & H.M. Xu. 2000 Methods of constructing core collections by stepwise clustering with three sampling strategies based on the genotypic values of crops. *Theor. Appl. Genet.* 101: 264-268.
- Huaman, Z., C. Aguilar & R. Ortiz. 1999a Selecting a Peruvian sweetpotato core collection on the basis of morfological, eco-geographical, and disease and pest reaction data. *Theor. Appl. Genet.* 98:840-844.
- Huaman, Z., R. Ortiz & R. Gomez. 1999b A proposed *Solanum tuberosum* subsp *andigena* core collection. CIP. Report 1997-1998.
- Huaman Z., R. Ortiz D. Zhang & F. Rodríguez 2000 Isozyme análisis of entire and core collections os *Solanum tuberosum* sobsp. *Andigena* potato cultivars. *Crop Sci.* 40:273-276.
- Mohammadi, S., A. & Prasanna, B. M. 2003 Analysis of Genetic Diversity in Crop Plants - Salient Statistical Tools and Considerations. *Crop Sci.* 43:1235-1248.
- Ochoa, 1990 *The Potatoes of South America, Vol. I: Bolivia*. Ed.cmbridge, UK.
- PROINPA 2002 Reporte anual
- Skinner, D.Z.; G.R. Bauchan; G. Auricht; & S. Hughes 1999 Developing a core collection from a large annual *Medicago* germplasm collection Pp: 61-66. in *Core Collections for today and tomorrow*. (R.C. Johnson, T. Hodgkin eds) IPGRI. Rome, Italy.
- Spagnoletti Zeuli, P.L. & C.O. Qualset. 1993 Evaluation of five strategies for obtaining a core subset from a large genetic resource collection of durum wheat. *Theor. Appl. Genet.* 87:295-304.
- Sackville, H.; J.M.M. Engels; Th.,J.L. van Hintum; B. Koo & M. Smale 2002 Accessions management. Combining or splitting accessions as atool to improve germplasm management efficiency. IPGRI, technical bulletin N° 5, Rome, Italy.
- Upadhyaya, H.D. & R., Ortiz. 2001 A mini core subset for capturing diversity and promoting utilization of chickpea genetic resources in crop improvement. *Theor. Appl. Genet.* 102:1292-1298.
- Van Hintum, Th.J.L. 1995 Hierarchical approaches to the analysis of genetic diversity in crop plants. Pp. 23-34 in *Core Collections of Plant Genetic Resources* (T. Hodgkin, A.H.D. Brown, Th.J.L. van Hintum and E.A.V. Morales, eds). John Wiley and Sons, U.K.
- Van Hintum, Th.J.L. 1999 The General Methodology for creating a core collection. Pp.: 10-16 in *Core Collections for Today and Tomorrow* (R.C. Johnson, T. Hodgkin eds) IPGRI. Rome, Italy.
- Van Hintum, Th.J.L., A.H.D. Brown, C. Spillane and T. Hodgkin 2000. *Core Collections of plant genetic resources*. IPGRI Technical Bulletin No. 3
- International Plant Genetic Resources Institute, Rome, Italy.
- Yonezahua, K.; T. Nomura, & H. Morishima 1995 Sampling Strategies for use in stratified germplasm collections. Pp 35-54. In *Core Collections of Plant Genetic Resources* (T. Hodgkin, A.H.D. Brown, Th.J.L. van Hintum and E.A.V. Morales, eds). John Wiley and Sons, U.K

Cuadro 3. Significancia estadística de la comparación de medias (prueba de t-student), varianzas (prueba de Levene) y distribución de frecuencias (prueba de la relación de verosimilitudes).

Característica Morfológica	S. goniocalix			S. stenotonom			S. tuberosum subsp. andigena			S. tuberosum subsp. tuberosum			S. x ajanhuiri			S. x curtilobum			S. x juzepczukii		
	media	var	distr.	media	var	distr.	media	var	distr.	media	var	distr.	media	var	distr.	media	var	distr.	media	var	distr.
Forma General del tubérculo	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	**	ns	ns	ns	ns	**	*	ns	ns	ns	ns	*	ns
Forma rara del tubérculo	ns	ns	ns	*	ns	**	*	**	ns	ns	ns	ns	ns	**	ns	ns	**	ns	ns	ns	*
Profundidad de los ojos	ns	ns	ns	ns	ns	*	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	**	ns	ns	**	**	**	ns	*
Color Predominante de la piel	ns	ns	ns	*	ns	ns	**	ns	**	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	**	ns	**
Intensidad del color de la Piel	ns	ns	ns	ns	ns	ns	**	ns	**	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	*	**	*
Color secundario de la piel	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	**	ns	*
Distribución del color secundario de la piel	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	**	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	**
Color predominante de la pulpa	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	**	*	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	**	ns
Color secundario de la pulpa	ns	ns	ns	*	ns	ns	**	**	**	ns	ns	ns	ns	*	ns	ns	**	**	ns	**	*
Distribución del color secundario de la pulpa	-	-	-	*	**	*	**	**	**	ns	ns	ns	ns	*	ns	ns	ns	ns	ns	**	*
Hábito de crecimiento	-	-	-	ns	*	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	**	ns	ns	*	ns	*	ns	**
Color del tallo	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	*	ns	*	*	ns	ns	ns	ns	**	ns	ns	*	**
Alas del tallo	-	-	-	ns	**	ns	ns	**	ns	ns	ns	ns	ns	**	*	ns	ns	ns	ns	**	ns
Diseción de hojas	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	*	ns	ns	*	ns	ns	**	*	ns	**	**	*	*	ns
Grado de floración	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	*	*	ns	**	ns	*	ns	*
Color predominante de la flor	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	*	**	ns	ns	ns	ns	**	ns	ns	**	ns	ns	**	**
Color secundario de la flor	ns	ns	ns	ns	ns	ns	*	ns	*	ns	ns	ns	ns	*	ns	ns	**	ns	**	**	**
Distribución del color secundario de la flor	-	-	-	ns	**	ns	ns	**	**	ns	*	ns	ns	**	*	ns	**	ns	ns	ns	**
Forma de la corola	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	*	ns	*	**	ns	**
Color del caliz	ns	ns	ns	ns	ns	ns	*	ns	**	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	**	ns	ns	**	**
Color del pedicelo	-	-	-	ns	**	ns	ns	*	**	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	**

ns : P > 0.05
 * : P < 0.05
 ** : P < 0.01