

**Variabilidad genética en cultivares de batata
(*Ipomoea batatas* (L.) Lam)**

**Tesis de la
Ing. Agr.**

Mariel Silvina Mitidieri

**Este trabajo ha sido presentado como requisito
para la obtención del grado Académico**

de

Magister Scientiae

Maestría en Mejoramiento Genético Vegetal INTA-UNR

EEA INTA Pergamino

Quiero expresar mi agradecimiento a mis asesores, principal y secundarios, a la junta académica, a mis compañeros y al personal del curso de postgrado, centro de cómputos y de biblioteca de la EEA INTA Pergamino por la colaboración brindada, a la comprensión de mis actuales compañeros de la EEA INTA San Pedro, muy especialmente a mis padres que me ayudaron de manera incansable en la realización de esta tesis y a Aníbal que se ocupó de la casa mientras la terminaba.

*lego...
una maceta con hierbabuena
y otra con boniato que me hastía
ya que esta cargante convolvulácea
me está invadiendo el cuarto con sus hojas....*

Mario Benedetti
“ Testamento de miércoles”

INDICE

	Pags.
Carátula	1
Agradecimientos	3
Indice	5
Resumen	8

1. INTRODUCCION

1.1	La especie.	9
1.1.1	Origen, distribución y descripción botánica.	9
1.2	Importancia del tema.	11
1.2.1	Importancia de la especie.	11
1.2.2	Importancia económica en la Argentina.	14
1.2.3	El cultivar Morada INTA.	14
1.3	Aspectos agronómicos.	15
1.3.1	Requerimientos de la especie.	15
1.3.2	El cultivo de la batata en la Argentina.	16
1.3.3	Enfermedades que afectan al cultivo de la batata en la Argentina, tolerancia y métodos de evaluación.	16
1.3.4	Mejoramiento, objetivos y métodos.	18
1.4	Variabilidad genética.	20
1.4.1	Variabilidad genética y diferenciación poblacional.	20
1.4.2	Variabilidad genética en batata.	22
1.5	Parámetros genéticos.	24
1.5.1	Estimación de parámetros genéticos en especies de propagación clonal.	24
1.5.2	Estimación de parámetros genéticos en batata.	26
1.6	Correlación estadística entre caracteres.	32
1.7	Hipótesis.	33
1.8	Objetivos.	33

2. MATERIALES Y METODOS

2.1	Poblaciones y sitios de recolección.	34
2.2	Muestreo.	35
2.3	Acondicionamiento, transplante y manejo del cultivo.	35
2.4	Caracteres evaluados.	38
2.4.1	Caracteres cuantitativos.	38
2.4.2	Caracteres cualitativos.	39
2.4.3	Evaluación del comportamiento frente a “peste negra” <i>Plenodomus destruens</i> .	41
2.5	Análisis univariado.	41
2.5.1	Prueba de Distribución Normal y transformaciones de variables.	41
2.6	Estimación de parámetros.	45
2.6.1	Análisis de variancia entre poblaciones para el análisis general y para los cultivares Morada y Bolívar.	45
2.6.2	Análisis de variancia dentro de poblaciones.	46
2.6.3	Estimación de componentes de variancia.	47
2.6.4	Estimación del grado de determinación genética (GDG).	47
2.7	Tests no paramétricos.	48
2.8	Correlación estadística entre caracteres.	49
2.9	Análisis multivariado.	49

3. RESULTADOS Y DISCUSION

3.1	Efecto materno.	50
3.2	Análisis de variancia.	51
3.2.1	Análisis de variancia para variables relacionadas con el rendimiento.	51
3.2.2	Análisis de variancia para caracteres de guía.	56
3.2.3	Análisis de variancia para la variable área bajo la curva de progreso de la enfermedad (<i>Plenodomus destruens</i>).	60
3.2.4	Análisis de variancia para porcentaje de la pulpa color púrpura.	60
3.3	Estimación de parámetros genéticos.	62
3.4	Respuesta esperada a la selección.	64
3.5	Parámetros genéticos dentro de poblaciones.	69
3.6	Tests no paramétricos para caracteres cualitativos.	80
3.7	Magnitud de las variancias genéticas.	82
3.8	Correlación estadística entre caracteres.	92
3.9	Análisis de las medias poblacionales.	99
3.9.1	Variables cualitativas.	99
3.9.2	Variables cuantitativas.	101
3.10	Análisis multivariado.	108
3.10.1	Análisis de componentes principales.	108

Indice		
3.10.2	Análisis de agrupamientos.	116
	Fenogramas.	121
3.11	Discusión final.	135
3.12	Conclusión.	137
4. BIBLIOGRAFIA		138

GRAFICOS

Número	Título	Pag.
3.7.1	Coefficiente de variación genética total y porcentaje de poblaciones en que cada variable mostró diferencias significativas dentro de poblaciones .	88
3.7.2	Porcentaje de variancia genética con respecto a la variancia total.	90
3.7.3	Proporción de la variancia genética total debida a diferencias entre poblaciones.	91
3.9.1	Medias poblacionales cultivar Morada.	105
3.9.2	Medias poblacionales cultivar Bolívar.	106
3.9.3	Medias poblacionales proporción de tejido afectado por “peste negra”.	107
3.10.1	Análisis de componentes principales para 10 poblaciones de batata.	110
3.10.2	Análisis de componentes principales para 5 poblaciones del cultivar Morada.	119
3.10.3	Análisis de componentes principales para poblaciones del cultivar Bolívar y Rojo y Blanco.	120

1. TABLAS

Número	Título	Pags.
1	Producción mundial de batata (1989), basado en datos de varios anuarios de producción de la FAO.	11
2	Destino de la producción de batatas en porcentaje.	12
3	Composición media de las raíces tuberosas de batata.	12
4	Composición general de la raíz de batata como porcentaje de la materia seca.	13
5	Composición del follaje de batatas en comparación con maíz para forraje.	13
6	Valores de heredabilidad en sentido amplio (H) y estricto (h^2) para caracteres de raíz en batata <i>Ipomoea batatas</i> (L) Lam.	28
7	Valores de heredabilidad en sentido amplio (H) y estricto (h^2) para caracteres relacionados con el rendimiento en batata <i>Ipomoea batatas</i> (L) Lam.	29
8	Valores de heredabilidad en sentido amplio (H) y estricto (h^2) para caracteres de guía en batata <i>Ipomoea batatas</i> (L) Lam.	30
9	Valores de heredabilidad en sentido amplio (H) y estricto (h^2) para caracteres de hoja en batata <i>Ipomoea batatas</i> (L) Lam.	31

RESUMEN

La batata, *Ipomoea batatas* (L.) Lam., es una fuente importante de alimentación en Argentina y Sudamérica. En nuestro país, su cultivo se basa casi exclusivamente en el uso del cultivar Morada INTA, obtenida en la EEA del INTA de San Pedro. Por la calidad de las raíces y por poseer entrenudos y guías cortas, que facilitan las labores mecánicas, este cultivar reemplazó casi por completo, desde su liberación, en 1978, al resto de los materiales genéticos utilizados en ese momento. Actualmente esta variedad, reproducida en forma vegetativa a través de plantines o trozos de guía, presenta desviaciones en cuanto a coloración interna de la raíz y a la estructura de planta, según la opinión de productores e investigadores.

Con el objetivo de conocer si existen diferencias de origen genético, entre y dentro de poblaciones de Morada INTA y otros cultivares de batata comúnmente utilizados en el país, se realizó un estudio de variabilidad genética con material recolectado en chacras de productores de la zona de San Pedro, proveniente de los cultivares, Morada INTA, Bolívar y Rojo y Blanco. El diseño experimental utilizado fue de bloques completos al azar, con tres repeticiones, con una distribución en planta espaciada. A partir del ANVA se estimaron parámetros genéticos para variables cuantitativas, para las variables cualitativas se utilizó el test no paramétrico de Friedman. También se realizó el análisis de componentes principales y de agrupamientos, para las 10 poblaciones analizadas y para los 33 genotipos de cada una de ellas en particular.

Para variables relacionadas con el rendimiento, peso de raíces comerciales por planta (peso fresco y peso seco), porcentaje de materia seca en raíz, número de raíces por planta y peso individual de raíces, se encontraron diferencias significativas entre y dentro de poblaciones, salvo algunas excepciones. Lo mismo se observó para peso fresco de la biomasa aérea y la relación peso fresco raíces/peso fresco biomasa total. Resultados similares se obtuvieron para los caracteres de guía longitud media de guías, lámina de la hoja, del pecíolo y entrenudos, diámetro de entrenudos y número de lóbulos por hoja y comportamiento frente a inoculaciones en invernadero con *Plenodomus destruens*, encontrándose clones asintomáticos. La variable proporción de la pulpa color púrpura, analizada sólo en Morada INTA presentó diferencia altamente significativas ($P < 0.01$) entre y dentro de poblaciones, presentando un grado de determinación genético (GDG) de 0.91. Para Bolívar los mayores GDG fueron para rendimiento en raíces (0.78) y diámetro de entrenudos (0.71) En cuanto a los caracteres cualitativos, sólo Bolívar presentó diferencias significativas entre poblaciones ($P < 0.05$), para pigmentación del envés de la hoja y forma de la raíz. Del análisis de las medias poblacionales y las correlaciones estadísticas realizadas, se extrae que cada cultivar exhibe un patrón de diferenciación definido, en Morada, el porcentaje de color púrpura en la pulpa va acompañado de diferencias en caracteres de importancia como rendimiento en raíces, coeficiente de partición y porcentaje y rendimiento en materia seca; en Bolívar, las diferencias en el potencial productivo van acompañadas de variabilidad genética en caracteres de guía. Los resultados del análisis multivariado coinciden con estos patrones de diferenciación.

La variabilidad genética encontrada en estos cultivares, evidencia la importancia del control en la producción de batata semilla, para no difundir variantes indeseables. Esta variabilidad podría ser utilizada para lograr un cierto progreso, pero éste sería escaso, si el trabajo de mejoramiento se limita a la selección de variantes superiores originados por mutación. Es necesario partir de una población base, lograda a partir del libre entrecruzamiento de clones seleccionados de Morada INTA más líneas de otros cultivares, para obtener materiales con las características que hoy exige el mercado.

1. INTRODUCCION

1.1. La especie

1.1.1 Origen, distribución y descripción botánica

La batata o camote, *Ipomoea batatas* (L) Lam ($6x=90$), es un miembro de la familia de las Convolvuláceas, Sección Batatas. En cuanto a la forma y lugar donde se originó esta especie, se puede citar la opinión de algunos investigadores que se dedicaron a su estudio; según Kehr, Ting y Miller (1953), citados por Folquer (1978), se originó por cruzamiento seguido de duplicación, del híbrido estéril triploide ($3x=45$), entre una especie diploide ($2n=30$) y una tetraploide ($2n=60$); Nishiyama y Teramura (1962), la consideran descendiente de una hexaploide ($6x=90$) como *Ipomoea trifida*; mientras que para Martin y Jones (1972), es una derivación, por autoploidía, de antiguas especies diploides ya extinguidas, siendo sus parientes vivientes más cercanos, *I. triloba* e *I. trifida* (Austin, 1987).

El origen americano de esta especie, ha sido sostenido por muchos botánicos y etnólogos, es una prueba de este origen, que el material más antiguo que se le conoce, son las batatas fósiles descubiertas por F. Engel en las cuevas de la Puna de Chilca, Perú, cuya edad remonta a unos 8000 ó 10000 años a. C. (Folquer, 1978), este hallazgo explica por qué, 2000 años a. C. , ya existían distintas razas de esta especie, cultivadas por civilizaciones de diferentes historias y etnias; descubierta y domesticada por los Chibchas y mejorada por Mayas e Incas, según la teoría de Austin (1987), la batata puede ser considerada una de las plantas cultivadas más antiguas del mundo. Existen hipótesis alternativas para definir el sitio de origen, una de ellas lo ubica entre México, Centroamérica y norte de Sudamérica, apoyada por la diversidad de material genético; la otra hipótesis, lo sitúa en el Perú, por la evidencia arqueológica de la antigüedad de su cultivo; mientras que para Huamán y De la Puente (1988), la batata fue domesticada sin dudas, en áreas tropicales de Latinoamérica, encontrándose el centro primario de diversidad, en el Noroeste suramericano, más algunas partes de América Central, según otros autores (Colombia, Ecuador y Norte del Perú)(Martin y Jones, 1971; Austin, 1987; Jones et al,1987; Montaldo, 1991).

Introducción. La especie.

En cuanto a su distribución, según Montaldo (1991), las referencias históricas de Merrill (1954), Humbolt (1827), De Candolle (1883), Del Carpio (1970), Busto (1969) y Yen (1969), confirman que se realizó desde Sudamérica al Triángulo de Polinesia, llegando hasta Nueva Zelanda por el Sudoeste, Papuasia y el Norte de Islas Marianas, entre los siglos 12 y 13 de esta era.

La batata es una especie perenne, pero se la cultiva como anual, su porte es rastrero y su consistencia herbácea, (Folquer, 1978), las raíces jóvenes, pueden transformarse en cualquier tipo de raíz, dependiendo de la actividad del cambium primario y del grado de lignificación de las células estelares. La iniciación de las raíces potencialmente tuberosas, se paraliza a las 8 semanas de la plantación, lo cual indica la importancia de las buenas condiciones ambientales durante este período de crecimiento (Wilson, 1970) y (Lowe y col, 1975), citados por Folquer (1978). El rendimiento en raíces reservantes, es también función de la actividad fotosintética (fuente), la cual puede estar limitada por una baja capacidad de almacenamiento (reservorio), la tasa de fotosíntesis depende de la demanda de las raíces reservantes por los fotosintatos, de ahí que se deba seleccionar genotipos con alto potencial reservante, para obtener altos rendimientos (Hahn, 1977; Villagarcía, 1990).

Las hojas son simples, con peciolo de color y pubescencia semejante al tallo, la lámina es orbicular, ovalada o astada (Folquer, 1978), existiendo una gran variación de formas, coloración de la pulpa y la piel de la raíz (Montaldo, 1991). Las flores están agrupadas en inflorescencias de tipo cima bípara, con colores característicos de cada cultivar. El fruto es una cápsula redondeada, que puede contener de una a cuatro semillas, de forma irregular o redondeada, levemente achatada, de color castaño o negro (Folquer, 1978).

La batata es una especie hexaploide ($2n=6x=90$, número básico: $x=15$), que se multiplica en forma agámica, la reproducción sexual se cumple sólo en algunos cultivares, siendo la intensidad de floración y fructificación muy variable entre ellos; posee una constitución genética altamente heterocigota, frecuente en plantas que se propagan vegetativamente y la mayoría de los cultivares son alógamos debido a la presencia de un sistema de autoincompatibilidad (Vargas y Luciani, 1989; Montaldo, 1991). A pesar de que muchos caracteres de la batata, pueden ser estudiados por medio de técnicas de genética cualitativa, la expresión de la mayoría de éstos es cuantitativa, ya que al ser una especie hexaploide tienen una herencia multifactorial (Jones, 1972 a).

1.2. Importancia del tema

1.2.1 Importancia de la especie

De 3000 especies vegetales usadas por el hombre, 150 están en el comercio mundial; de éstas, sólo una docena alimentan a la mayoría de la población y cuatro son cultivos de raíces y tubérculos: yuca, batata, papa y remolacha. El cultivo de estas últimas, ocupa el segundo lugar mundial en área sembrada y volumen de producción, con 47.5 millones de ha y 556.7 millones de toneladas, después de los cereales, que están en primer lugar, tanto en área como en producción, alcanzando valores de 718.3 millones de ha y 1638.8 millones de ton, respectivamente; los cultivos de raíces y tubérculos, con un 1/15 del área sembrada de cereales, producen un volumen equivalente a un tercio de éstos (Montaldo, 1991).

La batata es considerada la raíz del pueblo, ya que es una comida muy importante en muchos países tropicales y subtropicales, como Nueva Guinea, Indonesia, Japón, China, Corea, donde ha llegado a constituir una parte importante en la dieta diaria (Jones et al, 1987)(Mariscal y Carpena, 1988)(Montaldo, 1991). Ocupa el segundo lugar en la producción mundial de cultivos de raíces y tubérculos después de la papa (FAO, 1987); el 98% se produce en países del tercer mundo, del cual el 85% corresponde a China y un 2 % a Latinoamérica (Horton, 1987)(Tabla 1). En cuanto a su utilización, existen básicamente dos tipos de batatas: las primeras, de pulpa seca, dura y blanca, con alto contenido en almidón y bajo en proteína, casi sin caroteno, preferidas en Asia, donde son utilizadas en la industria de extracción de almidón, producción de alcohol o bien en la alimentación animal y las segundas, de pulpa húmeda, alto contenido en proteína y caroteno, preferidas como alimento humano en Estados Unidos y otros países de Occidente (Tabla 2).

Tabla 1 Producción mundial de batata (1989), basado en datos de varios anuarios de producción de la FAO.

	%	Millón (t)
Latinoamérica	1.7	2.40
Africa	4.5	6.12
Asia (sin China)	8.0	10.00
China	85.0	114.00
Europa Occidental	0.1	0.09
Norteamérica	0.3	0.50
Oceanía	0.4	0.57

Fuente (Carey, 1992).

Tabla 2. Destino de la producción de batatas en porcentaje.

	JAPON	EE.UU.
Almidón, alcohol, vino	54	0
Alimento de ganado	25	10
Alimento humano	15	84
Propagación	5	6

(Montaldo, 1991).

Las raíces de la batata, constituyen una excelente fuente de carbohidratos, el almidón representa un 60-70 % de su materia seca, mientras que el contenido en proteína es bajo, aunque de buen valor biológico, debido a que un 4.2 % asume la forma de lisina (Tablas 3 y 4)(Montaldo, 1991). El consumo fresco en Argentina, es el 3.4 % del total de hortalizas consumidas por año (182,37 kg), lo cual equivale a 6.2 kg "per capita", contra el 26.27 % de la papa. En cuanto a las preferencias del consumidor, convienen batatas con un adecuado tamaño medio, por el aspecto económico de ventas al menudeo y formas sin demasiadas costillas y/o depresiones, que den abundante desperdicio al pelado; el contenido de materia seca, además, se considera el parámetro de calidad por excelencia. También se están incrementando los estudios de composición química de las "puntas" de la parte aérea, para su uso en la alimentación humana, que se realiza en América (Méjico) y Oceanía (Filipinas, Taiwan y Polinesia)(Jones et al, 1987; Takagi y Opeña, 1987; Huamán y De la Puente, 1988; Ordóñez, 1989; Carey, 1992).

Tabla 3 Composición media de las raíces tuberosas de batata.

Composición	Raíces tuberosas
Humedad (%)	70.0 - 73.0
Proteína (g)	1.4 - 2.4
Grasa (g)	0.3 - 0.8
Carbohidratos (g)	22.0 - 28.0
Celulosa (g)	0.6 - 1.0
Insoluble fórmico (g)	1.0 - 1.5
Cenizas (g)	0.7 - 1.2
Calcio (mg)	70.0
Fósforo (mg)	200

Gramos por 100 g de porción comestible (Montaldo, 1991).

Tabla 4 Composición general de la raíz de batata como porcentaje de la materia seca.

% M.S.	Proteína	Fibra	Grasa	Cenizas	ELN
32	3.9	3.8	1.6	3.4	87.3

(Montaldo, 1991) ELN=Extracto libre de nitrógeno.

El follaje de la batata es útil como alimento para el ganado, al estado fresco y/o ensilados, es de mayor valor nutritivo que el maíz para forrajes, dado su mayor contenido en proteína y menor contenido en fibra (celulosa), prueba de ello es su índice de NDT (Nutrientes Digestibles Totales). Se ha recomendado especialmente para el ganado lechero, debido a la conocida propiedad de estimular la secreción láctea. Las raíces de esta especie, son fuente industrial de obtención de dulces, batatas congeladas, harinas, almidón, purés utilizados en la elaboración de papas chips reconstituidas, chips dulces, patty con distintos aditivos, postres, helados y golosinas; por su elevado contenido en hidratos de carbono fermentescibles, se utilizan para obtener alcohol etílico, mientras que las hojas y pecíolos, se emplean para la producción de metano. Por último, es interesante mencionar los estudios realizados en el Battelle Memorial Institute (Ohio, USA), que demostraron las excelentes condiciones de esta planta, para ser cultivada en las estaciones extraterrestres del futuro, por su capacidad para purificar el aire y elaborar reservas alimenticias (Ordóñez, 1990; Folquer, 1978; Montaldo, 1991).

Tabla 5 Composición del follaje de batatas en comparación con maíz para forraje.

	Follaje de batata	Maíz para forraje
Humedad (%)	16.76	19.10
Proteína (g)	8.29	6.63
Grasa (g)	3.34	1.68
Carbohidratos (g)	68.61	59.84
Celulosa (g)	8.71	24.69
Cenizas (g)	11.03	6.73
Relación nutritiva	1.9	1.10

Gramos por 100 g de muestra (Montaldo, 1991).

En resumen, por su particularidad de ser un cultivo de ciclo corto, fácil y conocido por la mayoría de los agricultores y campesinos, con una alta producción de carbohidratos en las raíces y de proteínas en las hojas nuevas, con un rico y variado germoplasma y trabajos muy avanzados en mejoramiento genético en China, Japón y Estados Unidos, la batata tiene una enorme posibilidad de expansión en el continente americano (Montaldo, 1991).

1.2.2 Importancia económica en la Argentina

En Argentina, la superficie anual cultivada con batata, ha ido decreciendo, pasando de 37 mil ha en 1976, a 32 mil en 1986, (0.0043 % de la superficie mundial), pero los rendimientos aumentaron, de 9167 kg/ha, a 12471 kg/ha en ese período. En 1988, la producción total anual era de 400000 Tn, el 94 % de la cual se concentraba en 6 provincias: Buenos Aires (27 %), Santiago del Estero (35 %), Córdoba (19 %), Tucumán (8 %), Formosa (3 %) y Corrientes (2 %), siendo las 4 provincias con mayor producción: Córdoba (166000), Bs. As. (100000), Sgo del Estero (55000) y Tucumán (52000). Actualmente estas estadísticas se han modificado, la producción en Santiago del Estero se ha reducido a escasas 300 ha, en Córdoba existen 7000 ha en el departamento Colón y norte del dpto. Capital y en Román, provincia de Santa Fé se pueden contabilizar otras 1000 has en producción, mientras que en la zona de San Pedro (Bs. As.) la superficie sería de unas 4000 ha (Fernández, 1996; Italia, 1996). En Bs. As., Sgo. del Estero y Córdoba predomina el cv. Morada INTA, mientras que en la zona del NEA, (Misiones, Corrientes, Entre Ríos, Chaco y Formosa) y NOA (Tucumán y Salta), predominan los cultivares amarillos y blancos, en estas dos zonas la mayor parte de la producción se destina al autoconsumo, siendo su comercialización en mercados regionales (Boy, 1988; Tártara et al, 1988). La zona de San Pedro (Provincia de Buenos Aires), es una de las áreas productivas más importantes, en ella se multiplica comercialmente el cultivar Morada INTA, que actualmente presenta problemas de degeneración morfo-fisiológica, que afectan su comercialización.

En un taller sobre la problemática de la producción y uso de la batata, organizado por el INTA y realizado en Santiago del Estero en 1988, se fijaron como problemas limitantes la inestabilidad de la oferta y la demanda, la dependencia genética por la predominancia de un cultivar ya que la difusión de Morada INTA, desplazó a cultivares que han respondido a condiciones agroeconómicas diversas, lo que aumenta la vulnerabilidad del cultivo ante posibles epifitias, las pérdidas postcosecha, la dudosa sanidad del material de plantación, la existencia de plagas y enfermedades generalizadas y en difusión y la limitada transferencia de tecnología.

1.2.3. El cultivar Morada INTA

Como resultado de sus cruzamientos intervarietales, el Ing. Agr. Augusto Folquer, obtuvo la variedad **Tucumana Morada**, híbrido entre **Camote del Perú** y **Brasilera Blanca**. En 1966, parte de este material fue llevado a la EEA del INTA de San Pedro, por presentar raíces uniformes, de piel lisa color morada intenso, alta producción a campo, a pesar de que presentaba un color morado intenso en el centro de la raíz, que desmerecía su calidad, tanto para el consumo directo, como para la elaboración de dulce. Esto motivó la búsqueda de individuos libres de tal defecto; para lo que se plantaron anualmente 5000 plantas, realizándose selección clonal, durante 9 años, hasta cosechar batatas libres de coloración. En 1978 se liberó oficialmente el cultivar, después de mostrar mayor rendimiento que aquellos usados en el momento, desde entonces se difundió rápidamente en el Norte de la provincia de Bs. As., pasando del 1 % de la superficie cultivada en 1978, al 70 % en 1980, tomando gran importancia en las zonas productoras de batata de la provincia de Córdoba, Sgo. del Estero y Corrientes (Bianchini y Boy, 1985 ; Boy, 1988); actualmente es el cultivar más difundido en el país.

Este cultivar se caracteriza por tener raíces de forma fusiforme, piel lisa color morada, tallo color rojo de superficie glabra con una longitud media de 77.5 cm y crecimiento semirrastrero, hoja de forma pentalobulada de 12 cm de longitud, limbo color verde oscuro, nervaduras color verde claro en el haz y verde claro y morado en el envés, pecíolo entre 15 a 7 cm de longitud y porcentaje promedio de materia seca en raíz de 35.74 %. Posee buena aptitud industrial y capacidad de brotación; debido a su porte semierecto y guías cortas, introdujo una mejora cultural, facilitando las labores durante el cultivo y la cosecha mecánica, al producir las raíces en forma concentrada cerca de la superficie (Bianchini y Boy, 1985).

Desde el momento de su liberación, este cultivar ha sufrido un proceso de degeneración, con la aparición de variantes con pulpa manchada de color púrpura y piel más coloreada, que por interés particular de los intermediarios que exigen color externo más intenso, no han sido descartados por los productores, también se han encontrado variantes en caracteres de guía, como la aparición de un mutante de hoja entera, que ha sido conservada como clon (Boy y Bianchini, 1990; Hompanera et al, 1993). Mollinedo y colaboradores (1991), trabajando con clones de Morada INTA, provenientes de materiales seleccionados de lotes comerciales, en base a buena condición sanitaria y alta producción, encontraron variabilidad genética para caracteres como, número de raíces reservantes, número, longitud máxima de guías y peso fresco aéreo; calculando ganancias genéticas relativas del 15 % y 25 %, según intensidades de selección del 30 % y 5 % respectivamente. Según los autores, las mutaciones somáticas espontáneas constituyen, en batata, una fuente importante de variabilidad genética para caracteres de importancia agronómica. En el Instituto de Fitovirología (IFFIVE) INTA, como parte del plan de detección de fuentes de tolerancia para Sweet Potato Feathery Mottle Virus (SPFMV), se seleccionaron cuatro clones (algunos de ellos regenerados a partir de callos cultivados in vitro), con buena aptitud comercial y con cierto nivel de tolerancia al "enanismo clorótico", que los distingue de las poblaciones comercialmente utilizadas (IFFIVE, 1993). También Mitidieri y Scandiani, (1991), seleccionaron clones pertenecientes a esta variedad que no manifestaron síntomas al ser inoculados con cepas de *Plenodomus destruens*.

1.3. Aspectos agronómicos

1.3.1 Requerimientos de la especie

La batata exige climas cálidos y húmedos, su temperatura óptima es de 22-24 °C; se cultiva, durante todo el año, en las regiones tropicales, pero también es importante, aunque sólo en el período libre de heladas, en regiones subtropicales y templadas como en Japón (40° lat. N), Estados Unidos (30-40° lat. N) y Argentina (30° lat. S.). Las condiciones que facilitan el desarrollo de las raíces reservantes son temperaturas mayores de 25 °C en el día y menores a 20 °C en la noche, baja intensidad de luz, fotoperíodo corto y clima moderadamente seco; mientras que temperaturas relativamente altas continuas, alta luminosidad, días largos y alta humedad estimulan el crecimiento vegetativo. Se cultiva bien desde el nivel del mar, hasta los 2500

Introducción. Aspectos agronómicos.

metros y por su porte rastrero se adapta a regiones con fuertes vientos que ocasionan daños a otros cultivos (Folquer, 1978; Takagi, 1987; Villagarcía, 1990; Montaldo, 1991).

Puede desarrollar en cualquier tipo de suelo agrícola, desde los arenosos a los arcillosos, aunque no en todos produce altos rendimientos; siendo tolerante a las variaciones de acidez y salinidad, se considera óptimo un suelo moderado a ligeramente ácido, con pH 5.5 a 6.5; en cuanto a la fertilidad, una aplicación excesiva de nitrógeno en este cultivo, puede inducir un desarrollo mayor de la parte aérea en detrimento del rendimiento en raíces. Las condiciones edáficas que aseguran buen rendimiento y raíces de calidad son, suelo friable y sin impedimentos físicos en el perfil que asegure una buena aireación y desarrollo radicular (densidad aparente óptima 1.3-1.5 g/cm³), buena capacidad de almacenaje de agua y adecuado suministro de nutrientes esenciales, la porosidad del suelo está relacionada directamente con el índice de cosecha de este cultivo, ya que la deficiencia de oxígeno limita la formación y el alargamiento de las raíces reservantes (Amm, 1990; Villagarcía, 1990; Folquer, 1978).

1.3.2 El cultivo de batata en la Argentina

El cultivo de batata en nuestro país comprende, desde huertas familiares urbanas hasta el gran cultivo. En la provincia de Buenos Aires (San Pedro y Baradero) y sur de Santa Fe, se realiza de agosto a marzo, en el período libre de heladas; comprende básicamente la confección de almácigos protegidos, transplante mecanizado, cosecha a partir de enero-febrero, con arado arrancador y recolección manual. El material de propagación utilizado está constituido por plantines originados de raíces conservadas por el productor a tal efecto, en pilas o en galpones a temperatura ambiente. En Córdoba y Santiago del Estero, se utilizan brotes o guías como material de propagación, éstos se obtienen de surcos sin cosechar del ciclo anterior; la conservación en esta zona se realiza bajo tierra, ya que no hay peligro de daños causados por heladas (Folquer, 1978; Boy, 1988; Bianchini y Boy, 1990a y b). También se cultiva para abastecer mercados locales y regionales en Tucumán (Ploper, 1988), Entre Ríos (Reula y Villanova, 1988) y Corrientes.

1.3.3 Enfermedades que afectan al cultivo de la batata en la Argentina, tolerancia y métodos de evaluación.

El cultivo de la batata, puede ser afectado en todas las etapas de su desarrollo por bacterias, hongos, virus, actinomicetes y micoplasmas, como así también, por factores de naturaleza abiótica. Dada las características de la planta, se hace notorio que las enfermedades que afectan a las raíces son las más destructivas, tanto si se producen en el campo, como durante el almacenamiento, por causar disminuciones

del rendimiento y pérdidas de calidad, por alteraciones del aspecto y gusto. La mayoría de las enfermedades que luego pueden desarrollar bajo condiciones de campo o durante el almacenamiento, se originan en los almácigos ocasionando importantes daños en el cultivo. Entre los patógenos del suelo que afectan a esta especie, figuran *Sclerotinia sclerotiorum*, *S. minor*, *Rhizoctonia*

solani, *Pythium ultimum*, *P. debaryanum*, *Sclerotium rolfsii*, y *Macrophomina phaseolina* (Mitidieri, 1989).

La **podredumbre del pie o peste negra de la batata**, fue citada por primera vez en la Argentina por Fresa y Fortugno (1966), como causada por el hongo *Plenodomus destruens*, (Harter); produjo en Argentina, importantes daños, llegando a ocasionar la destrucción total de los almácigos por muerte de los brotes, alcanzando carácter de epifitía en los cultivares colorada y blanca. Esta situación persistiría si no se hiciesen tratamientos preventivos con fungicidas en los almácigos y en el momento del trasplante (Mitidieri y Bianchini, 1968, 1969; Mitidieri, 1973; Mitidieri, I. de, 1989). Esta enfermedad puede ocurrir en el campo, almacenamiento o en el almácigo donde se desarrolla la mayor parte del proceso infeccioso. El patógeno, que al principio está localizado en el tallo a nivel del suelo, afecta la formación de reservas cuando avanza hacia las raíces y al alcanzarlas produce una podredumbre seca, firme y oscura en el extremo proximal, que continuará desarrollándose en el almacenamiento, pero que generalmente no destruye toda la raíz (Mitidieri, 1989).

Mitidieri y Scandiani (1991) realizaron una prospección fitopatológica del cultivo de batata durante la etapa de almácigo en la provincia de Bs. As, encontrando que el 65% de los almácigos estaban afectados por patógenos, entre los cuales el 84.6% eran de origen fúngico, siendo *R. solani* y *P. destruens* los hongos más importantes. Las autoras evaluaron cultivares y líneas de batata para su susceptibilidad a *P. destruens*, encontrando líneas resistentes, entre ellos, dos del cultivar Morada INTA, mientras que Rojo y Blanco y Bolívar fueron susceptibles.

Mientras existen evidencias sobre la herencia cuantitativa de la resistencia a otras enfermedades causadas por hongos como *Fusarium oxysporum* (Schlecht) f.sp. *batatas*, no existen muchos estudios sobre la herencia de la resistencia a "peste negra", ya que no es una enfermedad difundida en otros países, pero se puede citar la selección de una variedad resistente a este patógeno en el Brasil (Collins, 1977; Miranda, 1989; Jones, 1969c).

Entre los métodos adecuados para evaluar el desarrollo de enfermedades en batata, las pruebas en invernáculo fueron utilizadas por diversos autores para seleccionar clones resistentes tanto a nemátodos, como a hongos patógenos (Jones, 1970; Jones y Dukes, 1980). La inmersión de trozos de propágulos en suspensiones de inóculo estandarizadas e inmediata plantación en invernáculo, ha sido un método utilizado por distintos autores para seleccionar genotipos de batata resistentes a *F. oxysporum* f. sp. *batatas* (Collins y Nielsen, 1976; Jones et al, 1987). La evaluación de la enfermedad, se realiza a través de un índice que se compara con una variedad testigo, éste se elabora por medio de evaluaciones periódicas y la observación de los vasos vasculares de las plantas, que son extraídas una vez finalizado este período.

La variable **área bajo la curva de progreso de la enfermedad** (AUDPC) ha sido utilizada por distintos investigadores, ya que acentúa las diferencias entre genotipos, así lo demostraron Tooley y Grau (1984), en soja y Leath y Pedersen (1986) en maíz; al respecto, Ceballos et al (1991) estimaron el parámetro área bajo la curva de la enfermedad con la fórmula:

$$AUPDC = \sum_{i=1}^{n-1} [(DLA_{i+1} + DLA_i) / 2] [t_{i+1} - t_i / T]$$

donde DLA_i = % de área foliar afectada en la i ésima observación

n = número de observaciones

t_i = días entre el transplante y la observación i ésima

T = número de días del período de crecimiento completo.

Esta modificación de la fórmula utilizada por Leath y Pedersen (1986), al dividir por T , estandariza los valores de AUDPC a 100 cuando hay intervalos de observación de distinta duración.

1.3.4 Mejoramiento, objetivos y métodos.

El objetivo primario del mejoramiento en batata, ha sido desarrollar cultivares con alto potencial de rendimiento, de raíces de buena calidad y que puedan producirse a bajos costos, con buenas características de almacenamiento y resistencia a plagas y enfermedades en el cultivo y el almácigo, precocidad, alta producción de plantines y capacidad de florecer y dar semilla sin tratamientos especiales. Durante los últimos años, el mejoramiento ha sido dirigido, a obtener materiales para satisfacer objetivos específicos, como: cultivares para plantación directa a partir de trozos de raíz, guías cortas o enanas para producción doméstica, tipos de pulpa blanca para horneado, cultivares de alta producción para obtención de combustible líquido y de alto contenido en materia seca, que asegure alta eficiencia de procesamiento en la elaboración de raíces deshidratadas o para la extracción de almidón, materiales de pulpa anaranjada para consumo de batata frita o de guías de alta calidad, para consumo en fresco o como forraje (Jones et al, 1987). Otras propiedades a las que se da importancia son: la resistencia de la piel de la raíz, importante en las operaciones mecánicas de cosecha y factores fisiológicos como la capacidad fotosintética, la forma para la intercepción de la luz y el coeficiente de distribución de la materia seca producida (Montaldo, 1991).

Los estudios genéticos realizados en batata, dan cuenta de la existencia de variación continua en la mayoría de sus caracteres, los altos valores de heredabilidad obtenidos y la suficiente independencia entre ellos, hace posible la utilización de métodos secuenciales entre los métodos de mejoramiento utilizados en esta especie, el más eficiente es el masal, al ser una especie caracterizada por poseer una herencia compleja, descrita como cuantitativa y propagación clonal, en la cual no puede reproducirse un genotipo por vía sexual, los sistemas de mejoramiento por pedigree son de mucho menor utilidad que en otros cultivos. Avances rápidos por generación, cuando se unen a altas presiones de selección, proveen buenas bases para que el mejoramiento de la batata sea muy diferente a este clásico método. Un gran número de estudios fueron conducidos durante la década del 60 para evaluar y desarrollar procedimientos de selección masal para batata, los resultados indicaron, que los caracteres están lo suficientemente no correlacionados, como para permitir la selección simultánea de varios de ellos. Una de las estrategias modernas en el mejoramiento de esta especie, es utilizar

la selección masal recurrente para generar una población de base genética amplia, que responda a objetivos a largo plazo y policruzamientos entre pocos clones seleccionados (no más de 30) para obtener cultivares a corto plazo (Jones et al, 1976; Jones, 1987).

En Argentina, uno de los centros de investigación donde se realizaron avances en el mejoramiento de esta especie fue la Universidad Nacional de Tucumán, donde los objetivos de selección fueron:

- * Alto rendimiento en raíces reservantes.
- * Alto contenido en materia seca y azúcares.
- * Calidad de conservación de las raíces.
- * Precocidad.
- * Resistencia a rajaduras de la raíz.
- * Forma de raíz y color uniforme en cáscara y pulpa.
- * Resistencia a plagas y enfermedades.

En los últimos años se han realizado cruzamientos libres, de los cuales se seleccionaron 50 líneas, probadas en ensayos comparativos regionales con cultivares y líneas selectas del Programa de Mejoramiento en Fincas de pequeños agricultores rurales. Actualmente, la cátedra de Horticultura de la Facultad de Agronomía y Zootecnia de dicha Universidad, lleva a cabo un programa de Mejoramiento de la Batata (PROMEBA), cuyo objetivo es la obtención de nuevos cultivares de doble propósito: que se adapten para consumo directo e industria, con raíces comestibles de piel morada y pulpa crema o piel y pulpa blanca o crema, tolerantes a estrés hídrico y altas temperaturas y con buen comportamiento frente a plagas y enfermedades. Para ello se realizan estudios para aumentar la capacidad florífera de los materiales seleccionados. (Folquer, 1978; Cátedra de Horticultura de FAZ. Universidad Nacional de Tucumán, 1993, Ploper y Brandán, 1996).

Otros centros que se han dedicado al mejoramiento de esta especie son las Estaciones Experimentales del INTA de San Pedro y El Colorado (Formosa), en la primera, se obtuvo, por selección clonal, el cultivar Morada INTA, que actualmente prevalece en el mercado en todo el país; en la segunda se vienen realizando, desde 1981, cruzamientos dirigidos y libres utilizando la injertación para obtener floración y ensayos comparativos de rendimiento, de los clones que se obtuvieron a partir de semilla botánica desde 1989 a 1992, obteniéndose algunos clones promisorios en rendimiento y gusto (Vicentino y Gnoatto, 1993).

Es muy difícil lograr un rápido avance en mejoramiento mediante la selección clonal de mutaciones somáticas, a pesar de que la especie presenta una tendencia a producirlas, pues éste dependerá de la aparición espontánea de variantes favorables; por eso, actualmente, la inmensa mayoría de los trabajos de mejoramiento en batata, se basan en la producción de semillas por auto o alogamia, para originar poblaciones base, sobre las cuales seleccionar (Montaldo, 1991; Boy y Bianchini, 1990; Folquer, 1978, Ploper y Brandán, 1996).

1.4 Variabilidad genética

1.4.1 Variabilidad genética y diferenciación poblacional

Durante siglos, el ser humano ha sido consciente de las variaciones existentes entre individuos de la misma especie, ya sea en plantas, como en animales domésticos, asumiendo que eran heredables, sin embargo, sólo con la aparición de la Genética Mendeliana y la Teoría Darwiniana de la Selección Natural, se produjo un sustancial esfuerzo por documentar la cantidad de variación genética en poblaciones naturales (Hedrick, 1983). Después de 100 años de investigación, actualmente se conoce, que la cantidad de variabilidad que se encuentra entre poblaciones de especies vegetales es inmensa (Bradshaw, 1984).

La variabilidad genética puede clasificarse en: **interespecífica, intraespecífica, intrapoblacional, e interpoblacional**. La existencia de variabilidad genética intraespecífica, ha sido históricamente estudiada comparando plantas de la misma especie, pertenecientes a poblaciones recolectadas en ambientes distintos. Las experiencias de Turesson, en 1922 permitieron comprobar la existencia de estas razas locales dentro de una misma especie, sus estudios en *Hieracium umbellatum*, sugirieron que los patrones de variabilidad genética están correlacionados con el ambiente (Briggs y Walters, 1984).

La **magnitud de la variación intraespecífica** es afectada por diversos factores, entre ellos (i) el rango ecológico y geográfico de cada especie (van Valen, 1965); (ii) la ubicación geográfica (Soulé, 1973); (iii) la heterogeneidad ambiental (Hedrick et al, 1976);(iv) el sistema reproductivo (Wright, 1951). Entre todos estos factores, la **distribución geográfica y ecológica** de cada especie, resultaría ser uno de los factores más importantes en la determinación de la magnitud de la variación entre poblaciones (van Valen, 1965), mientras que la **heterogeneidad ambiental**, a menor escala, determina la magnitud de la variación dentro de poblaciones (Levins, 1968). Se ha argumentado que la **diferenciación poblacional**, puede ocurrir sobre **distancias** muy amplias (cientos de km), o sobre pocos metros (Iman y Allard, 1965, Aston y Bradshaw, 1966, Jain y Bradshaw, 1967

Antonovics, 1968a y b, Bradshaw, 1984), dependiendo de las condiciones ambientales. Se ha comprobado la formación de nuevas poblaciones, dentro de especies vegetales adaptadas a condiciones microambientales, ya sea porque las plantas pueden poseer: **plasticidad fenotípica** o **variabilidad genética** para adaptarse a varios ambientes localizados (Aston y Bradshaw, 1966).

Por otro lado, la heterogeneidad ambiental producida a través del **tiempo**, también tiene directa incidencia en la determinación de la magnitud de la variabilidad encontrada entre y dentro de poblaciones. La variación ambiental temporal, que actúa en una frecuencia mayor a la vida de los individuos, da lugar a la diferenciación intrapoblacional o polimorfismo; si dicha variación, persiste por varias generaciones puede ocurrir **diferenciación poblacional** (Snaydon, 1987). Existen numerosos ejemplos de cambios genéticos rápidos intra e interpoblacionales en especies cultivadas; tal el caso de la diferenciación poblacional observada en *Anthoxanthum odoratum* L., debido al efecto ambiental producido por tratamientos de fertilización y encalado, a lo largo de seis años (Snaydon y Davies, 1982); el descubrimiento hecho por Ayazloo y Bell (1981), de plantas de *Dactylis glomerata*, *Festuca rubra*, *Holcus lanatus* y *Lolium perenne* más tolerantes al dióxido sulfuroso; la tolerancia al cobre en *Agrostis stolonifera* (Bradshaw y Thurman, 1975) y los cambios poblacionales en relación al pastoreo hallados por Broughan y Harris (1967) (los tres últimos trabajos citados por Briggs y Walters, 1984). También en ambientes agrícolas, perturbados por el hombre, la composición genética de las poblaciones o cultivares puede cambiar muy rápidamente, dependiendo de la variabilidad existente (Beard y Hollowell, 1952, citados por Bradshaw en 1972; Smith, 1955, citado por Snaydon en 1978; Snaydon y Davies, 1982; Briggs y Walters, 1984). Entre las causas de diferenciación, la **deriva genética**, puede ser una fuerza importante, cuando el tamaño efectivo de la población es pequeño, pero existen limitadas evidencias al respecto (Jain y Rai, 1974; Schaal, 1975; Schemske, 1984).

En Argentina, existen numerosos trabajos de estudio de la variabilidad genética en poblaciones naturales y adaptadas a distintas condiciones ambientales, entre ellos se destacan los realizados en gramíneas forrajeras como *Bromus catharticus* (Traverso, 1985), *Agropyron scabrifolium* (Doell) Parodi (Andrés, 1987), *Sporobolus indicus* (L.) M. Brown (López Frasca, 1991), *Festuca arundinacea* Schreb, cv. El Palenque (Ceron, 1993). Todos ellos demostraron la existencia de una amplia variabilidad genética en las poblaciones, en respuesta a cambios temporales y/o espaciales ocurridos en los ambientes de recolección.

Otro factor que puede afectar la diferenciación poblacional es el **sistema reproductivo**; cuando interviene la reproducción sexual, la diferenciación dependerá del grado de autogamia, alogamia o apomixis que predomine en la especie; en especies autóгамas, el flujo génico es restringido, por lo tanto, se deberá esperar una reducción en la variabilidad genética dentro de poblaciones y un incremento en la variación entre poblaciones (Snaydon, 1987). El papel de la propagación clonal en la diferenciación poblacional, ha sido subestimada. Muchos años de competencia entre genotipos, puede resultar, en una mayor adaptación de algunos clones más adaptados que se conviertan en residentes casi irremovibles; es decir, que para especies que cuentan con los dos sistemas, mientras la reproducción sexual, produce nuevas recombinaciones genéticas y permite la dispersión a nuevos lugares, la reproducción asexual perpetúa los genotipos exitosos en la población local (Abrahamson, 1980).

Las plantas apomícticas obligadas, deberían tener su capacidad de generar variabilidad disminuida (Briggs y Walters, 1984), por carecer de medios de recombinación en el proceso de generación de propágulos. Existen argumentos contrarios a esta afirmación como un estudio de variabilidad genética en el que se comparó, una especie totalmente alógama, *Agrostis capillaris* y otra mayormente apomíctica, *Poa pratensis* y en el cual no se encontraron diferencias en cuanto a sus patrones de variación genética intrapoblacional (Helgadóttir y Snaydon, 1986). Más aún, la variación génica dentro de

poblaciones puede ser a veces mayor en especies autóгамas y apomícticas facultativas que en especies alógamas (Snaydon, 1987); los estudios de Bradshaw (1959, 1964) y Solbrig y Simpson (1974), citados por Briggs y Walters (1984), demostraron heterogeneidad genética en plantas aparentemente apomícticas obligadas. Turesson (1943), también citado por Briggs y Walters, 1984, encontró ejemplos en colecciones de *Alchemilla glabra*, *A. monticola* y *A. filicaulis*, con patrones de variación ecotípicos y llamó a las variantes **agamotipos**. Según estos autores, existen evidencias de poblaciones de clones, en especies autoincompatibles que son muy variables morfológicamente, se realizaron ensayos para determinar su variabilidad y el material se clasificó en diferentes individuos sobre la base de morfología, fenología, susceptibilidad a plagas y enfermedades. También se pueden citar, los trabajos de Solbrig y Simpson (1974), quienes hicieron estudios de electroforesis en un grupo apomíctico de *Taraxacum*, estudiando 3 poblaciones y encontraron distintos biotipos en las tres.

Las **mutaciones somáticas**, naturales o espontáneas, pueden incrementar el polimorfismo y aumentar la respuesta poblacional a la selección natural o artificial; por ejemplo, existen hipótesis, sobre la significancia de las mutaciones somáticas, en permitir a plantas perennes y de reproducción vegetativa evolucionar hacia defensas genéticas contra insectos (Primack y Kang, 1989; Snaydon, 1987; Fehr, 1987). Estas mutaciones, no sólo pueden ocurrir en el ADN nuclear, sino también, en el de los cloroplastos, constituyendo una importante fuente de variancia heredable. A pesar de que el mejoramiento por selección de variantes originadas por mutación, ha sido utilizado, el número de cultivares desarrollado por este método, es muy pequeño comparado con el que ha sido obtenido por hibridación y selección (Van Noordwijk, 1990). Uno de los clásicos ejemplos al respecto, es la selección en el contenido en aceite en maíz (*Zea mays*), en el que se sigue encontrando respuesta a la selección, después de más de tres cuartos de siglo (Dudley, 1977, citado por Van Noordwijk, 1990), parte de la misma, siendo atribuida a mutaciones ocurridas desde que empezó el experimento de selección.

Introducción. Variabilidad genética.

Una de las particularidades de *Ipomoea batatas*, es su tendencia a presentar mutaciones de origen somático, éstas dificultan el mantenimiento de clones en los bancos de germoplasma; las más comunes se producen en el color de la cáscara y de la pulpa, en el potencial de rendimiento y en el hábito de inserción de las raíces; en menor proporción, se presentan en la longitud y pigmentación de las guías y en la forma de las hojas, como las variantes de hoja lobulada y bejucos verdes, a diferencia de hojas enteras y tallos purpúraceos originales, detectados en el cultivar Brasileira Blanca por Folquer, en Tucumán y la aparición de un clon de hoja entera en Morada INTA (Martin, 1987; Huamán, 1987; Hompanera et al, 1993).

La obtención de nuevos cultivares, por incorporación de mutaciones progresivas, que representaron ventajas sobre los primitivos, como Puerto Rico, que dominó el mercado de EEUU por más de 15 años, derivado del cultivar Unit 1 Porto Rico, Texas 51, forma arbustiva de la Porto Rico y Rose Centennial, con piel de color más intenso y con mayor rendimiento que el clon original de Centennial (Folquer, 1978), motivó la inducción de mutaciones artificiales mediante el tratamiento con rayos gamma, o por métodos más modernos, como el de cultivo de tejidos con inducción de poliploidía y mutaciones somáticas o genéticas. Los resultados fueron, la obtención de variantes de color en las raíces, pero sin valor económico y diferencias significativas en el rendimiento de los subclones irradiados. La frecuencia de las mutaciones somáticas en la batata, llevó a organizar, en otros países, centros permanentes para la multiplicación y mantenimiento de *stocks* selectos, para asegurar la conservación de la pureza varietal o el aprovechamiento de las mutaciones progresivas. Con dicha finalidad se creó el "Chase Sweet Potato Research Center", en la Universidad de Louisiana, el cual se mantiene libre de enfermedades mediante un riguroso "cordón sanitario" permanente (Folquer, 1978).

1.4.2 Variabilidad genética en batata

Según Huamán (1987), los recursos genéticos de la batata pueden clasificarse en : especies silvestres, tipos no cultivados de *I. batatas*, cultivares nativos, cultivares mejorados y líneas utilizadas en planes de mejoramiento. Debido a la importancia de la especie, como base de la alimentación en países del tercer mundo, existen colecciones de batata en distintos centros internacionales de investigación, como el Centro Asiático de Investigación y Desarrollo Hortícola (AVRDC) en Taiwán y el Instituto Internacional de Agricultura Tropical (IITA) en Nigeria, donde se incluye germoplasma de Asia y Africa y distintos centros nacionales de investigación en Japón y Papua Nueva Guinea, en este último país se ha hallado un gran número de cultivares, debido a la facilidad para florecer y fructificar y la diversidad de ambientes en que la batata es cultivada (Takagi, 1987)(Sakamoto, 1987). Con el propósito de disminuir el riesgo de pérdida de los recursos genéticos de la especie en Latinoamérica y el Caribe, representados en una mínima fracción en los bancos mundiales hasta 1985, el Centro Internacional de la papa (CIP) y el Consejo Internacional de Recursos Fitogenéticos (IBPGR) iniciaron ese año, el desarrollo de un banco de genes. Para ello se realizaron, de 1985 a 1988, exploraciones y recolecciones sistemáticas en zonas de gran diversidad genética, que incluyeron 55 viajes por Argentina, Bolivia, Brasil, Colombia, Ecuador, Jamaica, México, Perú, República Dominicana y Venezuela (Huamán y De la Puente, 1988).

En Argentina, el Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA) y el CIP, han realizado conjuntamente tres expediciones, de exploración y recolección entre 1988 y 1991, en once provincias (Bs. As., Chaco, Corrientes, Entre Ríos, Formosa, Jujuy, Misiones, Salta, Sta. Fe, Sgo. del Estero y Tucumán). Actualmente, las accesiones de silvestres son mantenidas en forma de semilla botánica en el Banco de Germoplasma del INTA de Castelar, donde se encuentran cuatro de las cinco especies silvestres de la sección Batatas descritas para el país (*I. grandifolia*, *I. ramosissima*, *I. cordato-triloba* e *I. leucantha*). En dicho banco, a partir de 1992, se comenzó con la caracterización morfológica de las mismas, utilizando la lista de descriptores para batata del CIP, habiéndose identificado 33 grupos sinónimos a partir de la evaluación de madurez de raíces reservantes (90-120 y 150 días) y del grado de floración (Gnoatto, I. L. et al, 1993).

Son muy escasos los estudios, donde se haya cuantificado la diversidad genética presente en la especie, para el germoplasma presente en determinado país o región, por multiplicación de genotipos muestreados al azar y estimación de parámetros genéticos; la mayoría de ellos se refieren a poblaciones obtenidas por libre entrecruzamiento de unos pocos clones seleccionados para comenzar un plan de mejoramiento, o se limitan a describir la variabilidad fenotípica presente, ya que carecen de diseños genéticos adecuados. Como ejemplo de trabajos de este tipo, podemos citar los de Vargas y Luciani (1989); a pesar de que se basaron en una población de batata obtenida por polinización libre, mediante el entrecruzamiento de sólo 12 clones previamente seleccionados y de que la evaluación de la variabilidad existente, fue realizada por medio de los coeficientes de variación, el rango en caracteres cuantitativos y la distribución de frecuencias para caracteres cualitativos, sirve como antecedente citar, la gran variabilidad observada en los valores fenotípicos de características morfológicas y agronómicas como: forma, lobulación y color de nervaduras de la hoja, peso de follaje, color de la piel, rendimiento de raíces tuberosas, número de raíces tuberosas totales, número de raíces comerciales y rendimiento en materia seca, siendo la variabilidad en las características, longitud del peciolo y longitud de entrenudo, intermedia y baja, en: vigor de la planta, color del brote terminal, diámetro de entrenudo, color de la pulpa y contenido de materia seca.

En otros países, la literatura reporta estudios de variabilidad morfológica, en las Universidades de Georgia y Carolina del Norte, en EUA; en la Colección Mundial del Centro Asiático de Investigaciones y Desarrollo de Vegetales (AVRDC) en Taiwan y en Puerto Rico donde se obtuvo una variabilidad muy amplia en casi todas las características morfológicas y de interés agronómico y nutricional estudiadas (Vargas y Luciani, 1989). Mariscal y Carpena, (1988) realizaron un estudio de variabilidad genética en una población base de batata, introducida de USDA, encontrando una amplia variación genética, con una fuerte componente genética del tipo dominante, para caracteres como: rendimiento total, peso y número de raíces comestibles, número total de raíces, peso fresco de guías, índice de cosecha, comportamiento frente a la "costra de la batata" y contenido en materia seca de la raíz.

En Argentina, a partir de 1980, comenzó un proceso de erosión genética del germoplasma nativo, ocasionado por dos hechos fundamentales: la aparición del cultivar Morada INTA, que desplazó las variedades conocidas y la sustitución del cultivo en huerta familiar por cultivos de mayor renta. Por esta razón el CIP y el INTA, priorizaron la recolección de recursos genéticos de la batata para constituir un banco de germoplasma. En el material coleccionado, en zonas húmedas y tropicales hasta templadas y secas, en el período 1988-1991, se detectó una amplia variabilidad genética, apreciable en caracteres morfológicos de

Introducción. Variabilidad genética.

hojas y raíces reservantes (Boy, 1988). Hompanera et al, (1993), efectuaron una caracterización morfológica de 42 entradas de batatas cultivadas del Banco de Germoplasma, Centro de Investigaciones de Recursos Naturales, (INTA Castelar), utilizando técnicas de taxonomía numérica para su evaluación. Los resultados revelaron la formación de grupos que mantienen su integridad independientemente de la técnica de agrupamiento utilizada y que coinciden con la clasificación visual que puede realizar el mejorador. Algunos de estos grupos están conformados por clones, que posiblemente por el efecto de mutaciones somáticas se han diferenciado de su cultivar original.

1.5. Parámetros genéticos

1.5.1. Estimación de parámetros genéticos en especies de propagación clonal

La estimación de la variancia genética, puede ser útil para determinar el potencial de un "pool" génico para permitir el mejoramiento de características importantes (Pesek y Baker, 1971). El parámetro genético que más se ha utilizado, con el objeto de investigar la naturaleza de la variabilidad observada en una población, es la **heredabilidad**; este concepto, aplicado al caso específico de la selección clonal corresponde a los términos "progreso relativo esperado" (Hanson, 1963, citado por Mariotti, 1971), "heredabilidad en el sentido amplio", (H), (Burton y DeVane, 1953), "grado de determinación genética", (GDG), (Falconer, 1986) o "repetibilidad clonal" (Brown et al, 1968). Según Mariotti (1986), el grado de determinación genética expresa la **proporción de la variación total exhibida por la población, que puede explicarse por causas de origen genético, donde se incluyen, efectos genéticos de aditividad, dominancia y epistasis, sin ningún tipo de discriminación**. En algunas circunstancias, podrá incluir también efectos confundidos, tales como los efectos maternos, clonales (en las especies de reproducción asexual) e interacciones genético ambientales, de ahí que este parámetro genético, deba ser considerado como límite superior a los verdaderos de las poblaciones estudiadas (Mariotti, 1971; Libby y Jund, 1962). El error de la estimación del GDG, está asociado con las variancias de los componentes de variancia utilizados en la estimación; en el supuesto de una distribución normal de las estimaciones del GDG, Swiger et al (1964), citado por Becker (1975), emplean una estimación aproximada de la desviación estándar del GDG, según la siguiente fórmula:

$$S(GDG) = \sqrt{\frac{2(N-1)(1-GDG)^2 [1 + (k_2-1)GDG]^2}{k_2^2(N-k_1)(N-1)}}$$

donde $N=k_1 \times k_2$, el número de genotipos que constituye la población base está representado por k_1 y el número de réplicas de cada genotipo por k_2 .

Si un componente particular de variancia es muy pequeño, pueden aparecer **estimaciones negativas del mismo**, debidas a errores de muestreo para estimar una cantidad que es cero o casi cero (Dudley y Moll, 1969; Hogarth, 1971; Singh et al, 1993; Lindsey et al, 1958; Miller et al,

1958; Mariscal y Cárpena, 1988); aunque éstas por definición, no pueden nunca tener ese valor, sino que aumentando el número de muestras, se puede llegar a determinar estimaciones cercanas al mismo (Robinson, 1955, citado por Lindsey et al, 1958).

La ganancia esperada de la selección como porcentaje de la media, resume la información contenida en la heredabilidad y el coeficiente de variación genético (CV_g), este último, fue usado por Burton y DeVane (1953) y Comstock et al (1958) y puede ser la mejor medida de la variancia genética relativa; ha sido utilizado para comparar la cantidad de variancia genética entre poblaciones; haciendo un análisis de variancia sobre este parámetro, la media del mismo sirve como una medida de la variación total entre individuos dentro de una población dada (Helgadóttir y Snaydon, 1986).

Libby y Jund (1962) citan a muchos investigadores que han utilizado clones para estimar componentes de variancia en selección, entre ellos: Keller y Likens (1955), Comstock et al (1958), Comstock (1955), Brown et al (1968), Cooper (1959), Morrow et al (1958) y Libby (1962). Este último, estimando componentes de variancia en una población clonada de *Mimulus guttatus* y también de la progenie de cruzamientos dentro de la población, encontró que la tasa de respuesta al diferencial de selección, en un experimento de selección, estaba más de acuerdo con el estimador clonal, que con el de diseño más convencional. También Mariotti (1971), cita los trabajos de Mc Donald (1952) en pasto bromo (*Bromus ausensis* L.), Kalton et al (1952) en pasto ovillo (*Dactylis glomerata* L.) y Toda (1957) en *Crystomeria*. Otros ejemplos son las estimaciones de heredabilidad de Scossiroli et al (1963) en alfalfa, y las citadas por estos autores en álamo (*Populus deltoides*, Bath) realizadas por Wilcox y Farmer (1967)(1968), las de Farmer y Wilcox (1968) y Burton y DeVane (1953), en festuca alta, Vogel et al (1981) en *Sorghastrum nutans* (L.) Nash, Kang et al (1983), en caña de azúcar, Newell y Eberhart, (1961) en *Panicum virgatum* L., Morrow et al (1958), citados por Libby y Jund (1962) y Comstock et al (1958), citados por Hogarth (1971), en frambuesa; otros autores que calcularon heredabilidades en material de propagación clonal son, Keller y Likens (1955), citados por Libby y Jund (1962), Kneebone (1958), Robinson (1963) y Kang et al (1983).

La variación asociada al efecto materno, puede sesgar uno o más componentes o reducir la eficiencia de la selección; esto se debe a que, propágulos de un mismo

clon se parecen más entre sí, que entre propágulos de distintos clones, debido a que poseen el mismo genotipo, pero también, porque las partes vegetativas se encuentran en similares condiciones fisiológicas en el momento de la propagación, producto de una única interacción genotipo por ambiente en la planta madre. Cuando este efecto es importante, sobre todo en caracteres medidos inmediatamente después de la clonación, se sobrestima la heredabilidad en sentido amplio y los componentes de la variancia genética total.

En cuanto al método, la distribución a planta espaciada, con clones repetidos, ha sido utilizado para estimar parámetros genéticos y calcular correlaciones fenotípicas, genéticas y ambientales, por numerosos autores; Scossiroli et al, en 1963, lo utilizó en alfalfa, Burton y DeVane en 1953 y Newell y Eberhart en 1961, estimaron heredabilidad en sentido amplio a partir de clones repetidos en *Festuca arundinacea* y *Panicum virgatum* L. respectivamente; Snaydon y Davies en 1982 y Helgadóttir y Snaydon, en 1986, utilizaron esta metodología para estudiar la diferenciación poblacional en *Anthoxanthum odoratum* L. y *A. capillaris* y *P. pratensis* respectivamente. En batata, Vargas y Luciani en (1989), estimaron con este método, la variabilidad fenotípica existente en una población, obtenida por libre polinización, también Hahn (1977), utilizó este diseño para investigar la relación cuantitativa entre fuente y reservorio en el rendimiento en materia seca de cuatro cultivares. Este método, ha sido criticado por no reproducir las condiciones reales en que las plantas se encuentran en el cultivo, como por ejemplo, la competencia intraparcela (Wricke y Weber, 1986; Comstock y Moll, 1963; Davies y Snaydon, 1989; Morley, 1963); sin embargo, esta limitante sería de escasa importancia para evaluar caracteres como resistencia a enfermedades, altura de planta, tiempo de madurez, ausencia de esterilidad e índice de cosecha (Fisher y Kertesz, 1976).

Entre los diseños experimentales, los de bloques de repeticiones, o de repeticiones en bloques, son los más adecuados para estimar los componentes de varianzas, por cuanto los tratamientos no requieren correcciones de efectos genéticos y ambientales confundidos (Dudley y Moll, 1969).

1.5.2. Estimación de parámetros genéticos en batata

Hasta 1969, había muy poca información sobre componentes de variancia o heredabilidades en batata, a pesar de que existían evidencias de patrones de herencia cuantitativos; según Vargas y Luciani (1989), en esta especie, ha predominado la estimación de la heredabilidad en sentido restringido, usando los diseños de apareamientos tradicionales y los estudios de regresión padre progenie, sobre la estimación de la heredabilidad en sentido amplio; según los antecedentes en el tema, las estimaciones de esta última, tienden a ser altas y aumentar el número de ambientes, tiene muy poco efecto. El rendimiento es la variable más importante para los mejoradores, la magnitud de la heredabilidad depende del tipo de parámetro de que se trate, las estimaciones de grado de determinación genética son las más altas, siendo intermedias las de la heredabilidad estimada a través de variancia-covariancia y más bajas, las de la heredabilidad en sentido estricto; esto también fue observado en estudios de crecimiento, cracking, color de pulpa y reacción a marchitamiento por *Fusarium sp.* El aumento en el número de localidades y años, frecuentemente no son útiles en programas de mejoramiento de batata; las ganancias realizadas no son suficientes para justificar el costo adicional o prolongar las generaciones (Jones, 1969a; Jones, 1969b; Jones et al, 1976; Jones, 1977; Jones, 1986; Collins, 1977; Hahn et al, 1981).

Un valor alto de heredabilidad, no indica si un material tiene o no características deseables, ya que no está directamente relacionado con la frecuencia de tipos buenos versus malos, ni con medias o distribuciones. Es difícil saber cuál es un valor adecuado de heredabilidad para mejoramiento en batata, estimaciones de 0.60 son adecuadas para un buen avance por selección, probablemente valores tan bajos, como 0.30 por regresión y 0.40 por variancia - covariancia puedan ser considerados favorables, teniendo en cuenta que las técnicas de selección son bastante precisas. La filosofía del mejoramiento en esta especie, está cambiando lentamente con una aceptación gradual de los métodos de selección masal, basados en principios de genética cuantitativa, que demostraron ser eficaces para combinar caracteres favorables en los parentales. Se pueden alcanzar, avances rápidos por generación con altas presiones de selección en poblaciones de polinización libre, usando tipos florecientes; estas técnicas proveen un fuerte fundamento para el mejoramiento de la batata, muy diferente de los clásicos procedimientos de pedigree basados en principios de genética cualitativa (Jones et al, 1987).

Jones ,(1969 a y b; Jones, 1977), obtuvo estimaciones de heredabilidad, para 10 caracteres de guía y 10 de raíz, en un estudio de progenie, realizado sobre 40 líneas de batata; en la mayoría de los casos, el componente aditivo de variancia fue mayor que el no aditivo, encontrando que una gran proporción de la variancia fenotípica de los 20 caracteres, estaban explicados por el componente genético. También comparó, estimaciones realizadas a través de un año y una localidad y distintos números de años y localidades, encontrando que los datos de un año, sobrestimaban levemente el componente genético, por lo que sugiere utilizar datos de ambientes simples, debido a la falta de interacción genotipo por ambiente. Según el mismo autor, los caracteres de guía, tienen menos importancia económica directa que los de raíz, pero son más fácilmente estudiables y pueden ser útiles como monitores de cambios poblacionales; en caso de estar

correlacionados con caracteres de raíz, pueden ser incluidos en índices de selección. Otro ejemplo de estudio en batata es el de Vargas y Luciani (1989), quienes mediante un ensayo de clones repetidos, estimaron la heredabilidad en sentido amplio de 4 caracteres del follaje y 6 caracteres de la raíz.

A pesar de que se ha clasificado al color de la cáscara y de la pulpa de la raíz tuberosa de batata, dentro de los caracteres cualitativos del cultivo, algunos investigadores aseguran que la herencia de este último es, controlada por varios genes, encontrando que la escala derivada de la observación visual posee un alto grado de correlación ($r=0.7^{**}$) con el análisis cuantitativo de carotenoide. Martí y Mitidieri (1994), determinaron que, diferencias de color de piel y pulpa de batatas del cv. Morada INTA, medidas por medio de un colorímetro, respondían a la clasificación subjetiva de los clones. La heredabilidad para estos dos caracteres, de gran importancia económica debido a las preferencias de consumo, es muy alta (Ver Tabla 6), siendo la mayor parte de la variancia genética de naturaleza aditiva (Jones et al , 1976; Jones, 1977; Vargas y Luciani, 1989).

En cuanto a los caracteres relacionados con el rendimiento (Tabla 7), también el contenido en materia seca, es considerado un carácter de alta heredabilidad, con mayor proporción de efectos aditivos (Vargas y Luciani, 1989) o dominantes (Mariscal y Carpena, 1988), en la variancia genética. Confirmando estas evidencias, Pope et al (1970) encontraron diferencias entre cultivares, para el espacio intercelular (EI), variable directamente relacionada con el contenido en materia seca, pero no para localidades, tiempo de cosecha y ambiente. En nuestro país, Bianchini y Boy (1979) determinaron valores de materia seca de 27.94 % para el cv. Bolívar y 35.74 % para Morada. El peso medio de raíz, tiene un alto componente no aditivo según Jones, (1970) y Mariscal y Carpena (1988), estos autores también encontraron predominancia de variancia genética del tipo dominante para número de raíces comestibles, número y peso de raíces totales, índice de cosecha y comportamiento frente al scab; estos autores, no encontraron variancia genética aditiva para rendimiento y estimaron bajos valores de heredabilidad para este carácter y altos para número de raíces totales y comestibles.

En lo que respecta a los caracteres de guía (Tabla 8), se ha encontrado predominancia de variancia genética del tipo dominante para peso fresco de guías, mientras que los caracteres, longitud de guías, peso fresco de follaje y diámetro y longitud de entrenudos, resultaron ser caracteres de alta heredabilidad según Vargas y Luciani (1989), Mariscal y Carpena (1988) y Jones (1969 a).

En cuanto a los caracteres de hoja (Tabla 9), los estudios de Jones (1969 a), indican valores altos de heredabilidad para largo y tipo de hoja y coloración de venas de las mismas y bajos para la variable longitud del pecíolo (Vargas y Luciani, 1989).

En lo que respecta a la resistencia a enfermedades, Hernández et al (1969), citado por Montaldo (1991), demostraron que la resistencia a *Fusarium sp.* es un carácter cuantitativo, controlado posiblemente por seis genes que son de efecto acumulativo, mientras que Jones, (1969 c), en un estudio de progenie de material proveniente de una población de polinización abierta, encontró un alto componente aditivo, con valores de heredabilidad del 86 %.

Tabla 6. Valores de heredabilidad en sentido amplio (H) y estricto (h^2) para caracteres de raíz en batata *Ipomoea batatas* (L) Lam.

CARACTER Y METODO DE OBTENCION	HEREDABILIDAD		FUENTE
	TIPO *	VALOR	
Color epidermis			
	H	81.7 %	Vargas y Luciani, 1989
3l, 2a, var	H	97.1 %	Jones et al, 1969
3l, 1a, var	h^2	56.0 %	Luciani, 1984
3l, 2a, var-cov	h^2	81.0 %	Jones et al, 1969
1l, 1a, var-cov	h^2	73.8 %	Jones et al, 1969
Color pulpa			
3l, 1a, var	H	70.2 %	Vargas y Luciani, 1989
3l, 2a, var	H	97.4 %	Jones et al, 1969
3l, 2a, var-cov	H	97.1 %	Jones et al, 1969
1l, 1a, var-cov	h^2	63.8 %	Jones et al, 1969
reg	h^2	66.0 %	Jones et al, 1969
	h^2	53.0 %	Jones, 1977
	h^2	52.0 %	Vargas y Luciani, 1989
Forma de raíz			
var-cov	h^2	50.2 %	Jones et al, 1976
3l	H	83.0 %	Jones et al, 1969
3l, 2a	H	83.2 %	Jones et al, 1969
1l, 1a	h^2	58.0 %	Jones et al, 1969
3l, 2a	h^2	62.0 %	Jones et al, 1969

* Salvo aclaración estimaciones de heredabilidad en sentido estricto (h^2) realizadas en estudios de progenie, l=localidades, a= años, var=parámetro estimado a través de análisis de variancia, var-cov=parámetro estimado a través de análisis de variancia-covariancia.

Variabilidad genética en cultivares de batata

Tabla 7. Valores de heredabilidad en sentido amplio (H) y estricto (h^2) para caracteres relacionados con el rendimiento en batata *Ipomoea batatas* (L) Lam.

CARACTER Y METODO DE OBTENCION	HEREDABILIDAD		FUENTE
	TIPO *	VALOR	
Rendimiento en raíces			
reg	H	13.1 %	Vargas y Luciani, 1989
3I, 1a, var	h^2	8.0 %	Vargas y Luciani, 1989
3I, 2a, var	h^2	25.0 %	Jones, 1977
1I, 1a, var-cov	H	74.2 %	Jones et al, 1969
3I, 2a, var-cov	H	71.3 %	Jones et al, 1969
planta individual	h^2	37.2 %	Jones et al, 1969
Familia de ½ hermanos	h^2	41.0 %	Jones et al, 1969
	h^2	0.3 %	Mariscal y Carpena, 1988
	h^2	1.2 %	Mariscal y Carpena, 1988
Número de raíces comerciales			
3I, 1a, var	H	15.6 %	Vargas y Luciani, 1989
3I, 2a, var	H	76.6 %	Jones et al, 1969
Tranf. logarítmica	H	73.4 %	Jones et al, 1969
3I, 2a, var-cov	H	40.0 %	Jones, 1986
1I, 1a var-cov	H	83.0 %	Jones, 1986
planta individual	h^2	32.0 %	Jones et al, 1969
Familia de ½ hermanos	h^2	34.3 %	Jones et al, 1969
	h^2	43.0 %	Jones, 1986
	h^2	24.0 %	Mariscal y Carpena, 1988
	h^2	21.6 %	Mariscal y Carpena, 1988
Número de raíces totales	H	22.4 %	Vargas y Luciani, 1989
	h^2	66.0 %	Vargas y Luciani, 1989
Peso medio de raíz			
reg	h^2	41.3 %	Jones, 1976
Índice de cosecha	h^2	22.0 %	Mariscal y Carpena, 1988
	h^2	18.6 %	Mariscal y Carpena, 1988
Contenido en materia seca			
reg	H	68.7 %	Vargas y Luciani, 1989
var-cov	h^2	65.0 %	Jones, 1977
planta individual	h^2	48.0 %	Jones, 1986
Familia de ½ hermanos	h^2	19.5 %	Mariscal y Carpena, 1988
	h^2	58.9 %	Mariscal y Carpena, 1988

Tabla 8. Valores de heredabilidad en sentido amplio (H) y estricto (h^2) para caracteres de guía en batata *Ipomoea batatas* (L) Lam.

CARACTER Y METODO DE OBTENCION	HEREDABILIDAD		FUENTE
	TIPO *	VALOR	
Peso fresco de follaje			
Planta individual	H	26.0 %	Vargas y Luciani, 1989
Familia de 1/2 hermanos	h^2	52.0 %	Mariscal y Carpena, 1988
	h^2	69.4 %	Mariscal y Carpena, 1988
Longitud de entrenudos			
3l	H	42.4 %	Vargas y Luciani, 1989
3l, 2a	H	94.3 %	Jones, 1969
1l, 1a	H	93.4 %	Jones, 1969
3l, 2a	h^2	52.8 %	Jones, 1969
	h^2	61.0 %	Jones, 1969
Diámetro de entrenudos	H	60.0 %	Vargas y Luciani, 1989
Longitud de guías			
3l	H	94.0 %	Jones, 1969
3l, 2a	H	92.6 %	Jones, 1969
1l, 1a	h^2	53.0 %	Jones, 1969
3l, 2a	h^2	60.0 %	Jones, 1969

* Salvo aclaración estimaciones de heredabilidad en sentido estricto (h^2) realizadas en estudios de progeñe, l=localidades, a= años, var=parámetro estimado a través de análisis de variancia, var-cov=parámetro estimado a través de análisis de variancia-covariancia.

Tabla 9. Valores de heredabilidad en sentido amplio (H) y estricto (h^2) para caracteres de hoja en batata *Ipomoea batatas* (L) Lam.

CARACTER Y METODO DE OBTENCION	HEREDABILIDAD		FUENTE
	TIPO*	VALOR	
Longitud del pecíolo	H	25.4 %	Vargas y Luciani, 1989
Largo de hoja			
3l	H	92.3 %	Jones, 1969
3l, 2a	H	92.4 %	Jones, 1969
1l, 1a	h^2	89.2 %	Jones, 1969
3l, 2a	h^2	99.0 %	Jones, 1969
Tipo de hoja			
3l	H	97.4 %	Jones, 1969
3l, 2a	H	96.2 %	Jones, 1969
1l, 1a	h^2	55.7 %	Jones, 1969
3l, 3a	h^2	59.0 %	Jones, 1969
Coloración venas de hojas			
3l			
3l, 2a	H	98.3 %	Jones, 1969
1l, 1a (1)	H	99.0 %	Jones, 1969
3l, 2a	h^2	91.2 %	Jones, 1969
	h^2	95.0 %	Jones, 1969

(1) Promedio de 6 estimaciones realizadas a través de 2 años y 3 localidades.

* Salvo aclaración estimaciones de heredabilidad en sentido estricto (h^2) realizadas en estudios de progenie, l=localidades, a= años, var=parámetro estimado a través de análisis de variancia, var-cov=parámetro estimado a través de análisis de variancia-covariancia.

1.6. Correlación estadística entre caracteres

La estimación separada de correlaciones fenotípicas, genotípicas y ambientales fue amplia y ventajosamente utilizada por los fitomejoradores, tanto en la interpretación de los resultados de experimentos, como en la predicción de los efectos esperados de la selección independiente o simultánea de componentes del rendimiento (Chavanne, 1990). La causa principal de la correlación genética, es la pleiotropía de los genes, aunque el ligamiento también es una causa de correlación persistente en el caso de clones, particularmente en poblaciones derivadas de cruza entre líneas divergentes (Falconer, 1986).

En batata, Li (1965), citado por Jones (1990) usó el coeficiente de sendero para estudiar varios componentes de rendimiento. También se ha estudiado la asociación entre el tamaño de las raíces y la resistencia al marchitamiento causado por *Fusarium oxysporum* f. sp. *batatas* (Wr.) Snyder and Hans., las plantas con raíces de tamaño moderado, fueron más resistentes y aquellas con raíces mayores fueron más susceptibles (Jones et al, 1976).

Los estudios de correlación entre contenido en materia seca y otros caracteres, indican que, las raíces de color blanco y crema de pulpa, tienen mayor capacidad de brotación y crecimiento de guías, ya que representan tipos primitivos más competitivos y tienden a tener mayores pesos específicos en raíz, que aquellas de pulpa color naranja (Jones, 1976; Jones, 1977).

Vargas y Luciani (1989), encontraron asociación entre los siguientes caracteres: color de la pulpa y rendimiento en raíces totales y color de la piel de la raíz, (coeficientes de correlación de 0.361 ** y 0.21 *, respectivamente), con mayores rendimientos para raíces de piel blanca, entre rendimiento en raíces totales y materia seca y color de la pulpa, (coeficientes de correlación de 0.187 * y 0.294 **, respectivamente), entre materia seca de raíces y longitud del pecíolo (-0.18 *), entre porcentaje de materia seca en raíces y longitud de entrenudos (-0.183 *). Los análisis de coeficientes de contingencia y de correlación de Pearson, realizados por Lowe y Wilson en 1975, indicaron alta asociación entre los caracteres, peso de raíces totales, número de raíces totales y comerciales y rendimiento de materia seca en raíz (Perdomo, 1982; Hernández, 1983, Lowe y Wilson, 1975, citados por Vargas y Luciani, 1989).

Existen antecedentes sobre asociaciones fenotípicas, entre caracteres componentes del rendimiento en el cultivar Morada INTA; en la provincia de Córdoba, Biderbost et al. (1991 a), establecieron que el número de raíces reservantes, mostró ser el carácter de mayor incidencia sobre la expresión del peso fresco de raíces reservantes (PFRR). El número y largo de guías tienen efectos directos, pero no constituirían buenos indicadores para la selección, ya que presentaron significativos efectos indirectos negativos, vía peso fresco de la parte aérea, el cual posee un fuerte efecto directo negativo sobre PFRR; esto explicaría la existencia de "vicio", en el que un crecimiento vegetativo por encima de ciertos límites va en detrimento de la producción de raíces reservantes. Estos datos coinciden con los trabajos de Gollifer, citado por Martin (1988), quien encontró que el rendimiento en guías y el rendimiento en raíces están correlacionados negativamente.

1.7. Hipótesis

El cultivar de batata Morada INTA, está conformado por una población de clones, cuyas diferencias fenotípicas, en caracteres de interés agronómico de guía y raíz, son causadas por variabilidad genética dentro del cultivar.

La aparición de variantes de origen genético en materiales de propagación clonal también ocurre en otros cultivares de batata.

1.8. Objetivos

Cuantificar la variabilidad de origen genético entre y dentro de poblaciones de cultivares comerciales de batata, propagados en forma clonal, para caracteres de interés agronómico.

Determinar si existe un patrón de variación diferencial para cada cultivar, en cuanto a la magnitud de la variabilidad genética y a los caracteres en los cuales ésta se manifiesta.

2. MATERIALES Y METODOS

2.1. Poblaciones y sitios de recolección

Se evaluaron diez poblaciones pertenecientes a tres cultivares de batata: Morada INTA, Bolívar y Rojo y Blanco, recolectados de almácigos de siete productores de la zona de San Pedro y de la EEA del INTA de San Pedro)(Cuadros 1a y 1b).

Cuadro 1a. Sitios de recolección.

Establecimiento	Ubicación	Cvs. recolectados
Torino	Ruta 191 Km-17	Bolívar, Morada
Mirada	Ruta 9 Km 164	Morada
Parra	La Serena	Morada
Naranjales	Gdor. Castro	Morada, Bolívar
Moviglia	Ruta 9 Km 163	Bolívar
INTA	Ruta 9 Km 170	Bolívar, Morada, Rojo y Blanco.

Cuadro 1b. Referencia de las poblaciones evaluadas.

Número	Población
1	Morada Mirada
2	Morada Parra
3	Morada Gallina
4	Bolívar Degliantoni
5	Bolívar Moviglia
6	Bolívar Torino
7	Morada Torino
8	Morada INTA
9	Bolívar INTA
10	Rojo y Blanco

2.2. Muestreo

Se realizó entre el 15 y 22 de noviembre de 1991, un muestreo estratificado, escogiendo 50 raíces al azar, dentro de cada almácigo. Las raíces se recolectaron a una distancia tal entre ellas que permitió cubrir la superficie del almácigo uniformemente y evitar la duplicación de genotipos. Según Trankel y Hawkes (1975) citado por Traverso (1981), no se recomienda que las muestras excedan las 50 plantas por población, ya que con ello se logra el 95 % de la variación genética total.

2.3. Acondicionamiento, transplante y manejo del cultivo

El ensayo se realizó en la EEA del INTA de San Pedro, 33 grados de latitud sur, 59 grados de longitud oeste, en un lote con suelo perteneciente a la serie Ramallo, fase somera, caracterizado por ser un suelo oscuro, pesado y muy profundo (Cuadro 2), clasificado como un Argiudol vértico, según la Soil Taxonomy (1975).

Cuadro 2. Análisis de suelo serie Ramallo (Gómez y Nakama, 1991)..

Horizonte	A ₁	B ₁
Carbono orgánico (%)	1.44	0.78
Materia orgánica (%)	2.48	1.34
Nitrógeno total (%)	0.19	0.15
Relación C/N	8	5

Las raíces recolectadas fueron transportadas a esta Estación Experimental y mantenidas en condiciones de almácigo durante 20 días. El acondicionamiento en almácigo permitió la multiplicación de numerosos plantines por raíz. Se escogieron 33 individuos por población, de cada raíz se seleccionaron plantines al azar, los que fueron transplantados a 1.6 m de distancia entre plantas y entre surcos. Cada parcela constó de una planta, con tres repeticiones, en un diseño experimental de bloques al azar completamente aleatorizados. El transplante se realizó durante los días 4 al 8 de diciembre, los plantines fueron tratados con captan (500 gr de formulado/100 litros), se suministró riego complementario hasta lograr el establecimiento completo, y se procedió a la reposición de los que no lo hicieron satisfactoriamente.

Durante el ensayo, el control de malezas se realizó en forma manual alrededor de las plantas y con herbicidas gramínicos selectivos entre surcos (quizalofop - P - tefuril, 60 gr/ha de principio activo). En cuanto al control de plagas, se controló las vaquitas (*Diabrotica speciosa*) con carbaril (250 gr/100 l). Los datos climáticos registrados durante el ensayo se presentan en el Cuadro 3.

Cuadro 3. Promedios mensuales de Temperatura del aire y suelo (20 cm) en grados centígrados, humedad relativa (%) y lluvias registradas (mm) de Octubre de 1991 a Mayo de 1992.

Temperatura Mes	Temperatura aire	Temperatura suelo	Humedad relativa	Lluvia
Octubre	15.8	16.5	75	61.1
Noviembre	19.4	20.0	72	64.9
Diciembre	22.2	22.9	78	282.6
Enero	23.3	24.1	75	96.9
Febrero	23.1	25.2	74	82.1
Marzo	21.9	23.8	77	78
Abril	15.8	18.9	80	119.5
Mayo	13.3	15.9	80	31.2

Fuente:Uviedo (1991).



Fig. 1. Distribución de las plantas a planta espaciada, en una parcela del cv. Morada y en una de Bolívar (arriba). Abajo, el matrimonio Torino en su almácigo de batata.



2.4. Caracteres evaluados

2.4.1 Caracteres cuantitativos

En el Cuadro 4 se describen los caracteres evaluados, algunos de los cuales corresponden a los descriptores modificados por Huamán en 1990.

Cuadro 4. Caracteres cuantitativos evaluados en el ensayo.

Número	Carácter evaluado	Unidad
1	Rendimiento en raíces por planta (peso fresco)	g
2	Rendimiento en raíces por planta (peso seco)	g
3	Porcentaje de materia seca en raíz	%
4	Número de raíces comerciales por planta	-
5	Peso individual de raíces comerciales	g
6	Peso fresco biomasa aérea por planta	g
7	Rendimiento en raíces por planta (peso fresco)/peso fresco biomasa aérea (Coeficiente de partición)	%
8	Longitud media de guías	cm
9	Longitud de la lámina de la hoja	cm
10	Longitud del pecíolo	cm
11	Longitud de entrenudos	cm
12	Diámetro de entrenudos	mm
13	Número de lóbulos por hoja	-
14	Area bajo la curva de la enfermedad (<i>Plenodomus destruens</i>)	-
15	Porcentaje de color púrpura en la pulpa de la raíz	%

Los caracteres de guía, se basaron en el promedio de mediciones tomadas sobre las tres guías más largas de la planta y fueron tomadas, el 12/2/92 (largo de guía) y del 20 al 21 de marzo del mismo año, el resto. La cosecha se realizó el 15 de mayo, previo a la cual se pesó el total de guías de cada planta; las variables de raíz constan del promedio de mediciones de 9 raíces tomadas al azar de cada planta; para calcular el porcentaje de materia seca en raíz, se tomó una muestra de tres batatas por planta, que a su vez se cuarteó, para llevar a estufa, donde se secaron durante 48 horas a 90 °C; la evaluación de esta variable se realizó sobre 10 a 12 genotipos de cada población. Para comprobar si el comportamiento de los clones estaba sesgado por el tamaño inicial del propágulo, se midió el largo de cada plantín previo al trasplante y se pesaron las raíces madres de cada genotipo. Se realizó un análisis de regresión múltiple, tomando estos dos datos como variables independientes y a las variables número de tubérculos por

Materiales y métodos. Caracteres evaluados.

planta, peso fresco de la biomasa aérea y rendimiento en raíces como variables dependientes. También se realizó el análisis de regresión simple, para evaluar el efecto del largo inicial del plantín, sobre las variables largo de guías, longitud de entrenudos, longitud del pecíolo, longitud de la lámina de la hoja, diámetro de entrenudos y número de lóbulos por hoja. La variable porcentaje de pulpa color púrpura, se tomó midiendo los diámetros de la sección transversal del sector medio de cada raíz y de la mancha, teniendo en cuenta, que ésta se forma en el centro de cada batata, tomando formas circulares que responden a la de la raíz y que el límite entre la zona lisa y la manchada es muy marcado; con estos datos se calculó la superficie de la pulpa y de la mancha, mediante la fórmula $\text{Superficie} = \pi r^2$, (donde r = radio de las raíces y manchas) y se obtuvo el porcentaje mencionado. Si bien no existen antecedentes de evaluación de pigmentos en pulpa de batata realizados de esta manera, se consideró que era una medida objetiva, que permitió realizar el análisis de variancia y los correspondientes tests de las medias poblacionales y genotípicas, ya que la transformó en una variable cuantitativa.

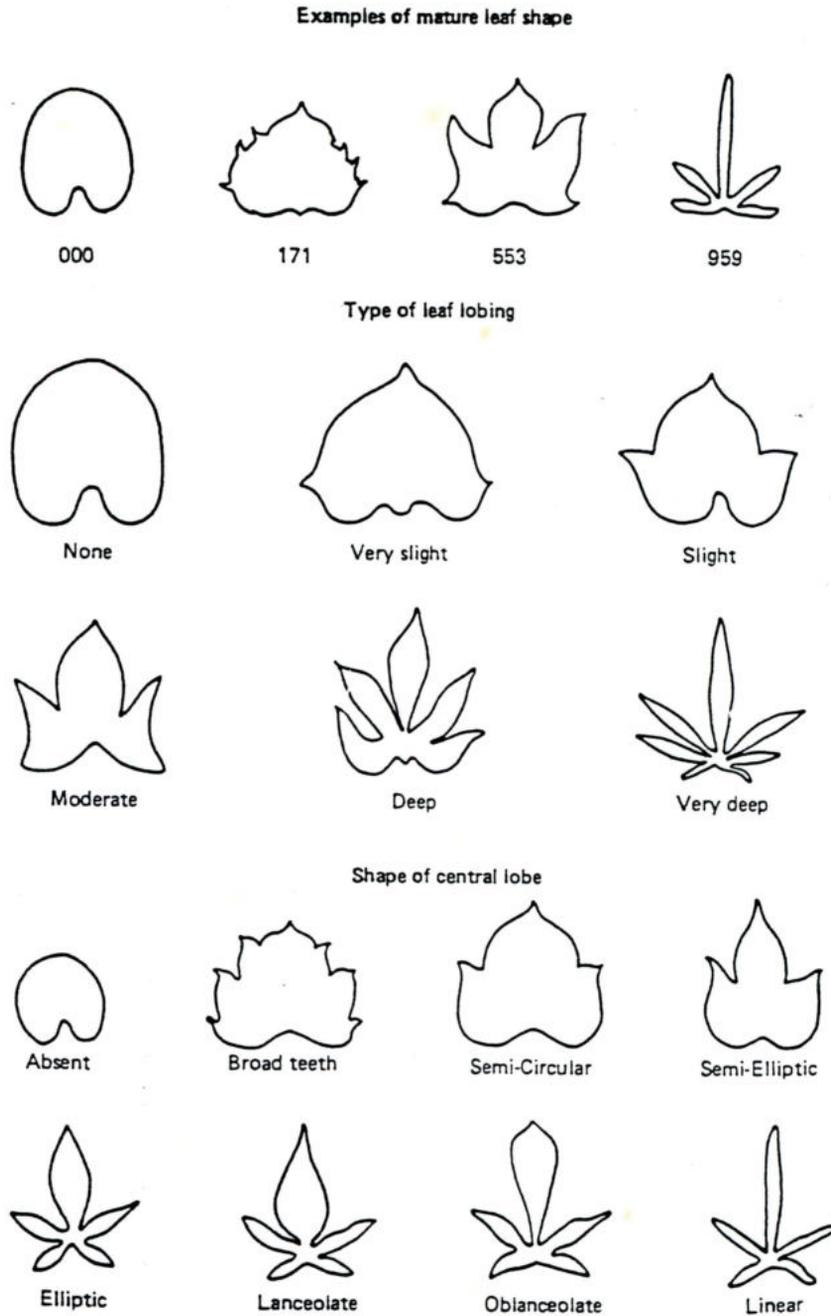
2.4.2 Caracteres cualitativos

Los caracteres cualitativos que figuran en el Cuadro 5, fueron computados como promedios con el mismo criterio que para los cuantitativos, tanto en las variables de guía como en las de raíz.

Cuadro 5. Referencia de las variables cualitativas según los descriptores de Huamán (1990).

Número	Variable
1	Perfil general de la hoja
2	Tipo de lóbulo central en hoja
3	Forma del lóbulo central en hoja
4	Pigmentación de las venas del envés de la hoja
5	Pigmentación del pecíolo
6	Color de la piel de la raíz
7	Color secundario de la piel de la raíz
8	Distribución del color secundario en la pulpa
9	Forma de la raíz
10	Presencia de venas en la raíz
11	Constricciones secundarias en la raíz
12	Hendiduras longitudinales en la raíz

Fig. 2. Forma de la hoja, tipo y forma del lóbulo central. (Extraído de los descriptores de Huamán, 1987)



2.4.3 Evaluación del comportamiento frente a "peste negra" (*Plenodomus destruens*)

Se utilizó una metodología similar a la aplicada por Jones et al (1987), Collins y Nielsen (1976) y Mitidieri y Scandiani (1991), estas últimas en evaluaciones de líneas de batata para tolerancia a este patógeno. Se usó una cepa proveniente de la Colección Micológica del Laboratorio de Fitopatología de la EEA del INTA de San Pedro, la cual fue cultivada en agar papa glucosado al 2%, las colonias se rasparon y filtraron por gasa estéril para coleccionar los conidios, con ellos se preparó una suspensión al 2% de glucosa y una concentración de 1.23×10^7 conidios/ml. Se cortaron trozos de guía (extremo terminal), los cuales fueron sumergidos en esta suspensión conídica y plantados en macetas de polietileno rellenas con una mezcla conformada por una parte de turba y dos de tierra, esterilizada en autoclave a 110 °C, durante 2 horas en períodos de una hora con descanso de 48 hs. La experiencia se realizó en un invernáculo de vidrio en un diseño de bloques completos al azar. Se realizaron 9 observaciones los días 21/5, 31/5, 8/6, 22/6, 5/7, 23/7, 10/8, 25/8 y 25/9, a los síntomas observados en cada planta se asignó un valor, según la siguiente escala:

- 1 = Aparición de 1 a 2 hojas cloróticas.
- 3 = Aparición de 1 a 3 hojas cloróticas, estrías marrones en el tallo, cerca del pie.
- 5 = Todas las hojas cloróticas, estrías marrones en el tallo cerca del pie.
- 7 = Todas las hojas cloróticas, tres cuartas partes del tallo necrosado.
- 9 = Mortandad de la planta.

Una vez finalizada la experiencia todos los plantines fueron extraídos, para controlar si los síntomas observados en la parte aérea de la planta correspondían a los síntomas de la "peste negra" en la raíz. Con los datos obtenidos se calculó el área bajo la curva de progreso de la enfermedad de Leath y Pedersen (1986), corregida por Ceballos (1991); este parámetro fue utilizado ya que es la variable que más ayudó a diferenciar clones, en cuanto a su comportamiento frente a esta enfermedad.

2.5. Análisis univariado

2.5.1. Prueba de Distribución Normal y transformaciones de variables.

Se realizó el test estadístico W de Shapiro y Hahn (1967), sobre los residuales, para todas las variables, el cual provee una técnica objetiva para evaluar el supuesto de normalidad, contra un amplio espectro de alternativas no normales, también se testó la uniformidad de las variancias a través del test de Levene.

Las transformaciones logarítmicas han sido utilizadas en el análisis de variancia para estudios de herencia, ya que contribuyeron a distribuir los datos normalmente sin cambiar el orden de importancia o

de magnitud de los componentes. Las codificaciones aditivas también cumplen con este propósito y no tienen efecto en las sumas de cuadrados, varianzas ni desviaciones típicas. (Brown et al, 1968; Libby y Jund, 1962; Sokal y Rohlf, 1980). En los casos en que las variables, no cumplieron con alguno de los supuestos necesarios para realizar el análisis de la variancia, se utilizaron las transformaciones que ofrecieron la mejor alternativa en cada caso, teniendo en cuenta, el mencionado test de normalidad, los coeficientes de variación y determinación, la kurtosis y el sesgo de la distribución, los gráficos de caja y de frecuencias acumuladas y la uniformidad de las variancias; las transformaciones realizadas pueden verse en el Cuadro 6:

Cuadro 6. Transformaciones realizadas a las variables analizadas.

Variable	Transformación
Número de tubérculos por planta	$\sqrt{x + 0,1}$
Rendimiento en materia seca	$\log(x + 0,1)$
Porcentaje de materia seca en raíz	$\text{arcoseno}(x + 0,1)$
Peso individual de raíces	$\log(x)$
Rendimiento en raíces	$\log(X + 3000)$
Peso fresco biomasa aérea	$\log(x + 3000)$
Coefficiente de partición	$\text{arcoseno}(x)$
Longitud de entrenudos	$\log(x)$
Número de lóbulos por hoja	$\sqrt{(x)}$
Area bajo la curva de progreso de la enfermedad	$\log(x)$

A fin de realizar los test no paramétricos e incluirlos en el análisis multivariado, los caracteres cualitativos, (Cuadro 8), fueron jerarquizados asignando a los valores asignados por Huamán (1990), los niveles que figuran en el Cuadro 7, según los criterios que se pueden leer en el Cuadro 8.

Materiales y métodos. Análisis univariado.

Cuadro 7. Niveles de jerarquización asignados a los valores de los descriptores creados por Huamán (1990).

Carácter \ Nivel	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
1	1	0	1	2	1	23	no	no	1	no	no	no
2	2	1	3 2	10	2 3 4 5	82	sí	2 10	2 4 5	sí	3	5
3	3 4	3	4	3	6 10	53		3 4	3 6		4	6
4	6	5	5 6	11	11			6 11 12 13 14	7 8		7	7
5	5	7	7	5 6	7 12			15 2 5	9			
6	7	9	9	4	9			16 17 21 22				
7				7				8 18				
8				8				23 19 20				
9								9				

Para facilitar la detección de diferencias entre clones, se agregaron categorías a las ideadas por Huamán (1990).

Cuadro 8. Criterio de jerarquización.

Caracteres cualitativos	Escala	Criterio de jerarquización
Perfil de la hoja	1 - 6	Profundidad escotadura de los lóbulos
Tipo de lóbulo		
Forma del lóbulo central		
Pigmentación de las venas del envés de la hoja	1 - 8	Proporción de nervaduras de color morado
Pigmentación del pecíolo	1 - 6	Proporción de pecíolo dd color morado
Coloración de la piel de la raíz	1 - 3	1=crema, 2=morado, 3=marrón
Existencia del color secundario en la piel	1 - 2	1=Ausente, 2=Presente
Distribución del color secundario en la pulpa	1 - 9	Proporción de la superficie de la pulpa ocupada
Forma de la raíz	1 - 5	1=Redonda, 5=Alargada
Venas en la piel de la raíz	1 - 2	1=Ausente, 2=Presente
Constricciones horizontales en la raíz	1 - 4	Intensidad de la constricción
Hendiduras longitudinales en la raíz	1 - 4	Intensidad de la hendidura

Criterios similares fueron utilizados por Hompanera et al (1993), para codificar los valores de los descriptores del IBPGR, a fin de clasificar mediante técnicas de taxonomía numérica, 42 entradas de batata del Banco de Germoplasma del INTA de Castelar.

2.6. Estimación de parámetros

Se realizó el análisis de variancia en cada caso, a las medias poblacionales se aplicó el test de comparación de medias múltiples de Duncan.

2.6.1. Análisis de variancia para el análisis general y para los cvs. Morada y Bolívar.

Se consideró cada clon, como un tratamiento y la variancia total generada por éstos se particionó en variancia entre y dentro de poblaciones. Se asumió un modelo aleatorio donde:

Y_{ikj} es la respuesta de los i -ésimos genotipos, de las k -ésimas poblaciones crecidas en los j -ésimos bloques ($i=1,2,\dots,g;k=1,2,\dots,p;j=1,2,\dots,b$). El modelo para Y_{ikj} y los parámetros involucrados fue:

$$Y_{ikj} = \mu + \gamma_k + \alpha_{i(k)} + \beta_j + \varepsilon_{ikj}$$

donde μ es la media general, γ_k representa el componente de variancia debido a poblaciones, α_i representa el componente de variancia debido a los genotipos anidados en las poblaciones, β_j es el componente de variancia debido a bloques y ε_{ikj} es el componente de variancia debido al error experimental, que se asume distribuido normal e independientemente con media 0 y variancia σ_e^2 .

Cuadro 9. Fuentes de variación, grados de libertad (gl) y esperanza de los cuadrados medios E(CM), para cada componente de variancia en el análisis general y para cada cultivar.

Fuentes de variación	gl	E(CM)
Bloques	$r - 1$	
Tratamientos	$c - 1$	$\sigma_e^2 + r \sigma_c^2$
Poblaciones	$p - 1$	$\sigma_e^2 + r \sigma_g^2 + gr \sigma_p^2$
Genotipos dentro de poblaciones	$p(g - 1)$	$\sigma_e^2 + r \sigma_g^2$
Residual	$(c - 1)(r - 1)$	σ_e^2
Total	$pgr - 1$	

donde:

r = número de bloques, c = número de tratamientos, p = número de poblaciones y g = número de genotipos dentro de poblaciones.

Para testar la significancia del componente de variancia debido a tratamientos, poblaciones y de genotipos dentro de poblaciones se construyeron los siguientes test de F (Ver Cuadro 9):

$$F_{TRAT} = \text{Cuadrado medio de tratamientos/Cuadrado medio del error}$$

$$F_{POB} = \text{Cuadrado medio de poblaciones/Cuadrado medio de genotipos}$$

$$F_{GEN(POB)} = \text{Cuadrado medio de genotipos/ Cuadrado medio del error}$$

2.6.2. Análisis de variancia dentro de poblaciones

Para analizar la variabilidad dentro de cada población se consideró un modelo aleatorio donde:

Y_{ij} es la respuesta de los i ésimos genotipos, crecidas en los j ésimos bloques ($i=1,2,\dots,g;j=1,2,\dots,b$). El modelo aleatorio para Y_{ij} y los parámetros involucrados fue:

$$Y_{ij} = \mu + \alpha_i + \beta_j + \varepsilon_{ij}$$

donde μ es la media general, α_i es el componente de variancia debido a genotipos, β_j es el componente de variancia debido a bloques y ε_{ij} es el componente de variancia debida al error experimental que se asume distribuido normal e independientemente con media 0 y variancia σ_e^2 .

Cuadro 10. Análisis de variancia para poblaciones individuales

Fuentes de variación	gl	E(CM)
Bloques	$r - 1$	
Genotipos	$(g - 1)$	$\sigma_e^2 + r \sigma_g^2$
Residual	$(g - 1)(r - 1)$	σ_e^2
Total	$gr - 1$	

Para testar la significancia del componente de variancia atribuido a genotipos se construyó el siguiente test de F (Ver Cuadro 10):

$$F_{GEN} = \text{Cuadrado medio de genotipos/ Cuadrado medio del error}$$

2.6.3 Estimación de componentes de variancia

Del análisis univariado realizado para el total de poblaciones, para los cultivares Morada y Bolívar y para cada población, fueron extraídos los correspondientes componentes de variancia genética y ambiental. De esta forma:

(i) Para estimar la **variancia genética** (σ^2_g), se utilizó el componente debido a tratamientos de los análisis general y de los cvs. Morada y Bolívar y el componente debido a genotipos en el análisis de cada población, ya que se consideró que éste sería el parámetro calculado al iniciar un plan de mejoramiento; si bien existen diferencias entre poblaciones, la variabilidad dentro de ellas exige seleccionar clones independientemente de su origen. Esta variancia fue estimada como:

$$\sigma^2_g = (CM_g - CM_e)/r,$$

donde: CM_g = Cuadrado medio de tratamientos o genotipos , CM_e = Cuadrado medio ambiental y r = número de repeticiones

(ii) Y la **variancia ambiental** (σ^2_e) fue estimada como:

$$\text{donde } \sigma^2_e = CM_e$$

Esta estimación (σ^2_e) no tiene componente genético y está compuesta por variación microambiental.

(iii) Por último la variancia fenotípica fue estimada como:

$$\sigma^2_f = \sigma^2_g + CM_e/r$$

2.6.4 Estimación del Grado de determinación genética (GDG).

Con las estimaciones de componentes de variancia obtenidos a partir del análisis de variancia, se estimó el GDG (Singh et al, 1993), a partir de la siguiente expresión:

$$GDG = \sigma^2_g / \sigma^2_f \text{ según (Falconer, 1986)}$$

Se calcularon también los coeficientes de variación genética (Burton y DeVane, 1953) mediante la relación:

$$CV_g = \frac{\sqrt{\sigma_g^2}}{\text{Media}}$$

lo que da un índice del potencial latente de avance en una población a seleccionar.

Finalmente, se calculó el avance probable (R) en la selección aplicada con 2 presiones de selección (5% y 30% de selectos) según Falconer (1986):

$$R = \text{intensidad de selección} \times \sigma_f \times GDG$$

y en valor porcentual en la media de la población a seleccionar:

$$R (\%) = (R \times 100) / \text{Media}$$

2.7. Tests no paramétricos

Se utilizó el test no paramétrico de Friedman para bloques no aleatorizados (Sokal y Rohlf, 1980)(Conover, 1971), que depende sólo del “ranking” de las observaciones dentro de cada bloque, también llamado análisis de variancia de 2 vías por rangos. Se realizó un análisis de las medias poblacionales, general y para cada cultivar y otro comparando las medias de los genotipos para cada población.

El estadístico T se calculó de la siguiente manera:

Si $R(X_{ij})$ es un ranking, de 1 a k asignados a los x_{ij} en el bloque i , R_j es la suma de rangos en la columna j de tratamientos:

$$R_j = \sum_{i=1}^b R(X_{ij}) \text{ para } j = 1, 2, \dots, k$$

entonces T calculado es igual a:

$$T_c = \frac{12}{bk(k+1)} \sum_{j=1}^k R_{-j}^2 - 3b(k+1)$$

y T tabulado : $T_t (a - 1)$.

donde j = tratamientos y b = bloques.

Se rechaza la hipótesis nula al nivel de α si T_c es $>$ que $1 - \alpha$ de la variable X^2 con $(k - 1)$ grados de libertad.

Supuestos:

- 1) Las k -variables aleatorias son mutuamente independientes.
- 2) Dentro de cada bloque las observaciones pueden ordenarse en orden creciente de acuerdo a algún criterio de interés.

2.8. Correlación estadística entre caracteres

Para poder conocer la relación entre todas las variables, (cuantitativas y cualitativas) incluidas en el estudio, se utilizó el coeficiente de correlación de Spearman. Ya que algunas variables no presentaban distribución normal, se aplicó el mismo método no paramétrico para estudiar todos los casos. Para conocer si las variantes originadas en los cultivares, estaban acompañadas de cambios en otro tipo de caracteres, se realizó un análisis para todos los clones pertenecientes al cv. Morada y otro tanto se hizo para Bolívar (Snedecor y Cochran, 1968).

2.9. Análisis multivariado

Se aplicaron dos técnicas de análisis multivariado: análisis de componentes principales y de agrupamientos, a las medias poblacionales y de genotipos de cada población en particular, para ello se incluyeron todas las variables analizadas en este estudio (cuantitativas y cualitativas).

Se utilizó la técnica desarrollada por Hotelling en 1933, para el análisis de componentes principales, calculados a partir de la matriz de correlación y para el de agrupamientos, se recurrió a la técnica del ligamiento promedio originada por Sokal y Michener en 1958, por ser considerada la que origina el fenograma con menor distorsión, respecto de la matriz de similitud, según la bibliografía (Crisci, 1983)(Lewis y Torres, 1992). La técnica de agrupamientos fue utilizada en batata por Lin (1988), para caracterizar 53 variedades por su actividad inhibidora de la tripsina, por Austin (1987) para estudiar las especies silvestres emparentadas con la batata y por Hompanera et al, (1993), para clasificar las entradas de *Ipomoea batatas* conservadas en el Banco de Germoplasma, en el INTA de Castelar, Argentina .

3. RESULTADOS Y DISCUSION

3.1. Efecto materno

Los resultados de los análisis de regresión múltiple y simple, para conocer la incidencia del peso de la raíz madre y el largo inicial del plantín, sobre los caracteres evaluados se pueden ver en los cuadros 1 y 2.

Cuadro 1. Análisis de regresión múltiple, efecto del largo del plantín (cm) y el peso de la raíz madre (g), sobre variables relacionadas con el rendimiento.

	Longitud del plantín	Peso de la raíz madre	CV	R ²
Variable				
No. de raíces por planta	ns	ns	33.3	0.002
Rendimiento en raíces	**	ns	4.0	0.028
Biomasa aérea	*	ns	7.1	0.008

Cuadro 2. Análisis de regresión simple, efecto del largo del plantín (cm) sobre caracteres de guía.

	Longitud del plantín	CV	R ²
Variable			
Longitud media de guías	**	37.9	0.015
Longitud de entrenudos	**	40.6	0.015
Longitud del pecíolo	ns	19.2	0.003
Longitud de la hoja	*	12.1	0.005
Diámetro de entrenudos	ns	17.3	0.003
Número de lóbulos por hoja	**	13.7	0.021

(**) Significativo con probabilidad de error < 0.01, (*) Significativo con probabilidad de error < 0.05, (ns) No significativo, CV= Coeficiente de variación y R²= Coeficiente de determinación.

Si bien en algunos casos los efectos resultaron significativos, la escasa proporción sobre la variancia total, que el modelo representaba hizo que la corrección de las variables analizadas por el largo inicial del plantín, no incidiera sobre los resultados del ANVA, ni su coeficiente de determinación (R^2), esto hizo descartar la posibilidad de realizar análisis de covariancia, ya que no presentaba ninguna ventaja.

3.2. Análisis de variancia

Para cada variable se realizó el análisis general, incluyendo las 10 poblaciones y para cada uno de los cultivares Morada y Bolívar.

3.2.1. Análisis de variancia para variables relacionadas con el rendimiento

Según los resultados de los cuadros 4 a 8, resumidos en el cuadro 3, para las variables relacionadas con el rendimiento se obtuvieron los siguientes resultados del ANVA:

Se encontraron diferencias significativas entre y dentro de poblaciones para todas las variables, tanto en el análisis general como en el de cada grupo, salvo algunas excepciones:

- * El cultivar Bolívar no presenta diferencias significativas para rendimiento en materia seca, mientras que, para esta variable, sólo presenta diferencias estadísticamente significativas entre poblaciones ($P < 0.01$), el cultivar Morada (Cuadro 5).
- * El carácter porcentaje de materia seca, arrojó diferencias altamente significativas entre poblaciones en los 3 análisis, pero no dentro de poblaciones (Cuadro 6).
- * En el cultivar Bolívar no se registraron diferencias significativas entre poblaciones para el carácter peso individual de raíces (Cuadro 8).

Cuadro 3. Resumen de significancias estadísticas para la variancia genética entre y dentro de poblaciones para el análisis general y el de los grupos Morada y Bolívar.

ANALISIS Variable	GENERAL		MORADA		BOLIVAR	
	Entre	Dentro	Entre	Dentro	Entre	Dentro
Rendimiento en raíces	**	**	**	**	**	*
Rendimiento en materia seca	**	*	**	ns	ns	ns
Porcentaje de materia seca	**	ns	**	ns	**	ns
Número de raíces por planta	**	**	*	**	**	*
Peso individual por raíz	**	*	*	*	ns	*
Biomasa aérea (peso fresco)	**	**	**	**	**	**
Coefficiente de partición	**	**	**	**	ns	**
Longitud de guías	**	**	**	*	**	*
Longitud de entrenudos	**	**	**	**	**	ns
Diámetro de entrenudos	**	**	**	*	**	**
Longitud de la lámina	**	*	ns	**	**	*
Longitud del pecíolo	**	**	**	ns	*	**
Número de lóbulos por hoja	**	**	*	ns	**	**
Area bajo la curva	**	*	*	**	**	ns
Porcentaje de pulpa púrpura	-	-	**	**	-	-

** Significativo con $P < 0.01$

* Significativo con $P < 0.05$

ns No significativo

Cuadro 4. Análisis de variancia para la variable rendimiento en raíces, para el total de poblaciones (GENERAL) y para los grupos de poblaciones pertenecientes a los cultivares Morada y Bolívar respectivamente.

POBLACIONES	GENERAL		MORADA		BOLIVAR	
	gl	F	gl	F	gl	F
Fuentes de variación						
Tratamientos	321	2.6 *	161	1.9 **	126	1.5 **
Poblaciones	9	33.5 **	4	8.8 **	3	8.4 **
Gen(poblaciones)	312	1.3 **	157	1.6 **	123	1.3 *
Bloques	2	3.3 *	2	1.9 ns	2	6.8 **
Residual	581		292		229	
Total	904		455		357	
	CV	R ²	CV	R ²	CV	R ²
	3.26	0.59	2.8	0.51	3.6	0.48

Cuadro 5. Análisis de variancia para la variable rendimiento en materia seca, para el total de poblaciones (GENERAL) y para los grupos de poblaciones pertenecientes a los cultivares Morada y Bolívar respectivamente.

POBLACIONES	GENERAL		MORADA		BOLIVAR	
	gl	F	gl	F	gl	F
Fuentes de variación						
Tratamientos	118	3.0 **	60	1.8 **	44	1.1 ns
Poblaciones	9	15.3 **	4	6.0 **	3	1.7 ns
Gen(poblaciones)	109	1.4 *	58	1.3 ns	43	1.0 ns
Bloques	2	1.9 ns	2	2.9 ns	2	2.0 ns
Residual	187		103		78	
Total	307		165		124	
	CV	R ²	CV	R ²	CV	R ²
	10.8	0.66	11.9	0.52	9.1	0.42

(**) Significativo con probabilidad de error < 0.01, (*) Significativo con probabilidad de error < 0.05, (ns) No significativo, CV= Coeficiente de variación y R²= Coeficiente de determinación.

Cuadro 6. Análisis de variancia para la variable *porcentaje de materia seca en raíces*, para el total de poblaciones (GENERAL) y para los grupos de poblaciones pertenecientes a los cultivos Morada y Bolívar respectivamente.

POBLACIONES	GENERAL		MORADA		BOLIVAR	
	gl	F	gl	F	gl	F
Fuentes de variación						
Tratamientos	118	2.8 **	60	1.2 ns	44	1.5 *
Poblaciones	9	33.0 **	4	9.0 **	3	5.8 **
Gen(poblaciones)	109	0.8 ns	58	0.7 ns	43	1.1 ns
Bloques	2	10.8 **	2	0.5 ns	2	13.3 **
Residual	188		103		78	
Total	308		165		124	
		R ²	CV	R ²	CV	R ²
		0.65	8.2	0.49	6.5	0.47

Cuadro 7. Análisis de variancia para la variable *número de raíces por planta*, para el total de poblaciones (GENERAL) y para los grupos de poblaciones pertenecientes a los cultivos Morada y Bolívar respectivamente.

POBLACIONES	GENERAL		MORADA		BOLIVAR	
	gl	F	gl	F	gl	F
Fuentes de variación						
Tratamientos	321	2.6 **	161	1.5 **	126	1.8 **
Poblaciones	9	35.0 **	4	3.3 *	3	11 **
Gen(poblaciones)	312	1.3 **	157	1.4 **	123	1.4 *
Bloques	2	1.8 ns	2	2.3 ns	2	8.2 **
Residual	583		290		231	
Total	906		453		359	
	CV	R ²	CV	R ²	CV	R ²
	26.8	0.59	27.9	0.45	24.5	0.51

(**) Significativo con probabilidad de error < 0.01, (*) Significativo con probabilidad de error < 0.05, (ns) No significativo, CV= Coeficiente de variación y R²= Coeficiente de determinación.

Cuadro 8. Análisis de variancia para la variable peso individual de raíces, para el total de poblaciones (GENERAL) y para los grupos de poblaciones pertenecientes a los cultivares Morada y Bolívar respectivamente.

POBLACIONES	GENERAL		MORADA		BOLIVAR	
	gl	F	gl	F	gl	F
Fuentes de variación						
Tratamientos	321	1.3 **	160	1.3 **	126	1.4 **
Poblaciones	9	3.6 **	4	3.4 *	3	1.5 ns
Gen(poblaciones)	312	1.2 *	156	1.3 *	123	1.4 *
Bloques	2	4.8 **	2	2.9 ns	2	5.1 **
Residual	565		280		224	
Total	888		442		352	
	CV	R ²	CV	R ²	CV	R ²
	8.6	0.43	9.0	0.45	7.0	0.45

Para las variables peso fresco biomasa aérea y peso fresco raíces/peso fresco biomasa total, se encontraron diferencias altamente significativas ($P < 0.01$) entre y dentro de poblaciones, mientras que para la última variable, en el cultivar Bolívar éstas sólo fueron significativas dentro de poblaciones (Cuadros 9 y 10).

Cuadro 9 Análisis de variancia para la variable peso fresco biomasa aérea por planta, para el total de poblaciones (GENERAL) y para los grupos de poblaciones pertenecientes a los cultivares Morada y Bolívar respectivamente.

POBLACIONES	GENERAL		MORADA		BOLIVAR	
	gl	F	gl	F	gl	F
Fuentes de variación						
Tratamientos	321	1.9 **	161	2.1 **	126	1.8 **
Poblaciones	9	7.7 **	4	4.8 **	3	8.0 **
Gen(poblaciones)	312	1.6 **	157	1.9 **	123	1.6 **
Bloques	2	12.7 **	2	6.1 **	2	7.2 **
Residual	584		292		232	
Total	907		455		360	
	CV	R ²	CV	R ²	CV	R ²
	3.3	0.52	6.3	0.54	5.8	0.51

(**) Significativo con probabilidad de error < 0.01 , (*) Significativo con probabilidad de error < 0.05 , (ns) No significativo, CV= Coeficiente de variación y R²= Coeficiente de determinación.

Cuadro 10 Análisis de variancia para la variable relación peso fresco total raíces/peso fresco biomasa total, para el total de poblaciones (GENERAL) y para los grupos de poblaciones pertenecientes a los cultivares Morada y Bolívar respectivamente.

POBLACIONES	GENERAL		MORADA		BOLIVAR	
	gl	F	gl	F	gl	F
Fuentes de variación						
Tratamientos	321	2.1 **	161	1.9 **	126	1.5 **
Poblaciones	9	19.5 **	4	15.6 **	3	1.0 ns
Gen(poblaciones)	312	1.4 **	157	1.4 **	123	1.5 **
Bloques	2	4.0 **	2	11.1 **	2	13 **
Residual	580		291		228	
Total	903		454		356	
	CV	R ²	CV	R ²	CV	R ²
	24.6	0.54	25.0	0.54	22.5	0.49

(**) Significativo con probabilidad de error < 0.01, (*) Significativo con probabilidad de error < 0.05, (ns) No significativo, CV= Coeficiente de variación y R²= Coeficiente de determinación.

3.2.2 Análisis de variancia para caracteres de guía

Para los caracteres de guía se encontraron diferencias significativas entre y dentro de poblaciones para todas las variables (Cuadro 11 a 16) salvo para longitud de entrenudos dentro de poblaciones en el cv. Bolívar (Cuadro 12), longitud de la lámina entre poblaciones para el cv. Morada (Cuadro 14) y longitud del pecíolo y número de lóbulos por hoja dentro de poblaciones para este último cultivar (Cuadros 15 y 16).

Cuadro 11. Análisis de variancia para la variable *longitud media de guías*, para el total de poblaciones (GENERAL) y para los grupos de poblaciones pertenecientes a los cultivares Morada y Bolívar respectivamente.

POBLACIONES	GENERAL		MORADA		BOLIVAR	
	gl	F	gl	F	gl	F
Fuentes de variación						
Tratamientos	321	6.4 **	161	1.6 **	126	1.9 **
Poblaciones	9	135 **	4	9.3 **	3	14 **
Gen(poblaciones)	312	1.3 **	157	1.3 *	123	1.4 *
Bloques	2	2.2 ns	2	5.1 **	2	0.5 ns
Residual	610		304		243	
Total	933		467		371	
	CV	R ²	CV	R ²	CV	R ²
	22.5	0.77	23.5	0.47	19.9	0.49

Cuadro 12. Análisis de variancia para la variable *longitud de entrenudos*, para el total de poblaciones (GENERAL) y para los grupos de poblaciones pertenecientes a los cultivares Morada y Bolívar respectivamente.

POBLACIONES	GENERAL		MORADA		BOLIVAR	
	gl	F	gl	F	gl	F
Fuentes de variación						
Tratamientos	321	13.9 **	161	1.6 **	126	1.3 **
Poblaciones	9	330 **	4	8.6 **	3	6.3 **
Gen(poblaciones)	312	1.3 **	157	1.4 **	123	1.2 ns
Bloques	2	48.7 **	2	16.7 **	2	22 **
Residual	605		300		242	
Total	928		463		370	
	CV	R ²	CV	R ²	CV	R ²
	13.6	0.88	18.3	0.51	11.0	0.47

(**) Significativo con probabilidad de error < 0.01, (*) Significativo con probabilidad de error < 0.05, (ns) No significativo, CV= Coeficiente de variación y R²= Coeficiente de determinación.

Cuadro 13. Análisis de variancia para la variable *diámetro de entrenudos*, para el total de poblaciones (GENERAL) y para los grupos de poblaciones pertenecientes a los cultivares Morada y Bolívar respectivamente.

POBLACIONES	GENERAL		MORADA		BOLIVAR	
	gl	F	gl	F	gl	F
Fuentes de variación						
Tratamientos	321	11.0 **	161	1.4 **	126	3.4 **
Poblaciones	9	220 **	4	5.2 **	3	32.5 **
Gen(poblaciones)	312	1.5 **	157	1.3 *	123	2.0 **
Bloques	2	122 **	2	86.3 **	2	42.0 **
Residual	605		300		242	
Total	928		463		370	
	CV	R ²	CV	R ²	CV	R ²
	8.0	0.86	7.4	0.58	8.3	0.68

Cuadro 14. Análisis de variancia para la variable *longitud de la lámina de la hoja*, para el total de poblaciones (GENERAL) y para los grupos de poblaciones pertenecientes a los cultivares Morada y Bolívar respectivamente.

POBLACIONES	GENERAL		MORADA		BOLIVAR	
	gl	F	gl	F	gl	F
Fuentes de variación						
Tratamientos	321	2.2 **	161	1.4 **	126	1.6 **
Poblaciones	9	27.4 **	4	1.1 ns	3	15 **
Gen(poblaciones)	312	1.2 *	157	1.4 **	123	1.3 *
Bloques	2	36.7 **	2	50.7 **	2	13 **
Residual	605		300		242	
Total	928		463		370	
	CV	R ²	CV	R ²	CV	R ²
	10.1	0.56	8.7	0.52	10.7	0.49

(**) Significativo con probabilidad de error < 0.01, (*) Significativo con probabilidad de error < 0.05, (ns) No significativo, CV= Coeficiente de variación y R²= Coeficiente de determinación.

Cuadro 15. Análisis de variancia para la variable *longitud del pecíolo*, para el total de poblaciones (GENERAL) y para los grupos de poblaciones pertenecientes a los cultivares Morada y Bolívar respectivamente.

POBLACIONES	GENERAL		MORADA		BOLIVAR	
	gl	F	gl	F	gl	F
Fuentes de variación						
Tratamientos	321	3.2 **	161	1.5 **	126	1.8 **
Poblaciones	9	55.5 **	4	12.7 **	3	3.1 *
Gen(poblaciones)	312	1.3 **	157	1.1 ns	123	1.7 **
Bloques	2	4.7 **	2	2.8 ns	2	25 **
Residual	605		300		242	
Total	928		463		370	
	CV	R ²	CV	R ²	CV	R ²
	14.5	0.63	13.0	0.45	15.4	0.53

Cuadro 16. Análisis de variancia para la variable *número de lóbulos por hoja*, para el total de poblaciones (GENERAL) y para los grupos de poblaciones pertenecientes a los cultivares Morada y Bolívar respectivamente.

POBLACIONES	GENERAL		MORADA		BOLIVAR	
	gl	F	gl	F	gl	F
Fuentes de variación						
Tratamientos	321	5.9 **	161	1.3 **	126	1.8 **
Poblaciones	9	117 **	4	3.1 *	3	7.0 **
Gen(poblaciones)	312	1.5 **	157	1.2 ns	123	1.6 **
Bloques	2	10.2 **	2	9.3 **	2	4.1 *
Residual	607		301		243	
Total	930		464		371	
	CV	R ²	CV	R ²	CV	R ²
	8.1	0.78	3.9	0.43	13.0	0.49

(**) Significativo con probabilidad de error < 0.01, (*) Significativo con probabilidad de error < 0.05, (ns) No significativo, CV= Coeficiente de variación y R²= Coeficiente de determinación.

3.2.3 Análisis de variancia para la variable área bajo la curva de progreso de la enfermedad (*Plenodomus destruens*).

Para la variable área bajo la curva de progreso de la enfermedad (*Plenodomus destruens*), se encontraron diferencias significativas entre y dentro de poblaciones, salvo para el caso de la variabilidad dentro de poblaciones en el cultivar Bolívar. Cabe destacar, la identificación de clones que no manifestaron síntomas en ninguna de las tres repeticiones, una vez finalizado el ensayo, esto ocurrió en un genotipo de la población B. Torino, en otro de Rojo y Blanco, en tres de M. Mirada, en dos de M. INTA, y en uno de M. Parra y M. Torino respectivamente, de los cuales sólo dos, (uno en M. Parra y otro en M. INTA, presentaban manchas color púrpura en pulpa) (Cuadro 17). La presencia de variabilidad para comportamiento frente a *Plenodomus destruens* en Morada INTA, fue también informada por Mitidieri y Scandiani en 1989, mientras que Biderbost et al (1991), encontraron clones con mayor tolerancia a SPFMV (IFFIVE, 1993). Estas variantes, con mayor tolerancia a enfermedades, podrían ser utilizadas, en futuros planes de mejoramiento, sobretodo, teniendo en cuenta que pertenecen a una variedad comercial y no necesariamente están asociadas a la presencia de pigmentos antocianicos en la pulpa.

3.2.4 Análisis de variancia para porcentaje de la pulpa color púrpura

En el caso del porcentaje de la superficie de la pulpa color púrpura realizado únicamente en el cv. Morada, se obtuvieron diferencias altamente significativas ($P < 0.01$) entre y dentro de poblaciones (Cuadro 18).

Cuadro 17. Análisis de variancia para la variable área bajo la curva de la enfermedad (*Plenodomus destruens*), para el total de poblaciones (GENERAL) y para los grupos de poblaciones pertenecientes a los cultivares Morada y Bolívar respectivamente.

POBLACIONES	GENERAL		MORADA		BOLIVAR	
	gl	F	gl	F	gl	F
Fuentes de variación						
Tratamientos	321	1.7 **	161	1.5 **	126	1.7 **
Poblaciones	9	12.5 **	4	3.2 *	3	27.9 **
Gen(poblaciones)	312	1.2 *	157	1.4 **	123	1.0 ns
Bloques	2	11.5 **	2	3.4 *	2	14.5 **
Residual	633		319		248	
Total	956		482		372	
	CV	R ²	CV	R ²	CV	R ²
	0.4	0.47	0.4	0.44	0.4	0.49

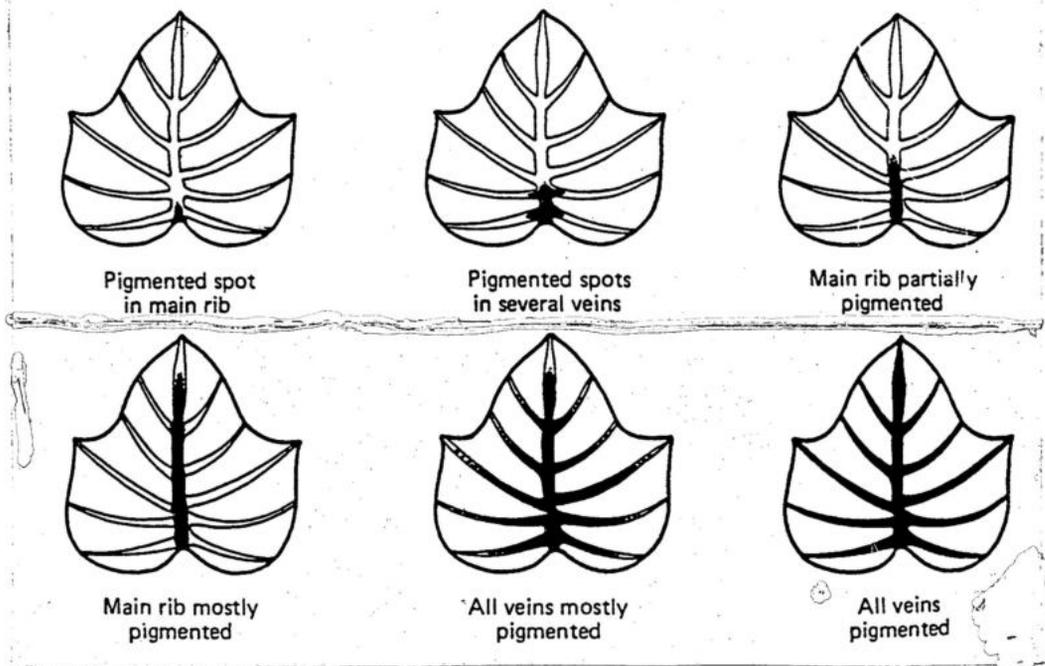
(**) Significativo con probabilidad de error < 0.01 , (*) Significativo con probabilidad de error < 0.05 , (ns) No significativo, CV= Coeficiente de variación y R²= Coeficiente de determinación.

Cuadro 18. Análisis de variancia para la variable *color púrpura en la pulpa de la raíz*, para las poblaciones pertenecientes al cultivar MORADA.

POBLACIONES	MORADA	
	gl	F
Fuentes de variación		
Tratamientos	160	11.22**
Poblaciones	4	27.17**
Gen(poblaciones)	156	6.78**
Bloques	2	6.70**
Residual	274	
Total	436	
	CV	R ²
	12.7	0.87

(**) Significativo con probabilidad de error < 0.01, (*) Significativo con probabilidad de error < 0.05, (ns) No significativo, CV= Coeficiente de variación y R²= Coeficiente de determinación.

Fig. 3. Coloración de las venas del envés de las hojas. (Extraído de los descriptores de Huamán, 1987)



3.3 Estimación de parámetros genéticos

En el análisis general, el componente genético resultó significativo para todas las variables, dada la alta variabilidad entre los distintos cultivares, los grados de determinación genética resultaron altos para todas ellas, salvo el peso individual de raíces (Cuadro 19). Como se puede observar en el grupo de poblaciones pertenecientes al cultivar Morada INTA, la variable porcentaje de la superficie de la pulpa color púrpura tiene alto grado de determinación genética (GDG); para las variables números de lóbulos por hoja y área bajo la curva de progreso de la enfermedad, los parámetros genéticos no fueron calculados, ya que las variancias genéticas dieron valores negativos, por lo que se consideraron estimaciones de valores cercanos a cero (Cuadro 20); el mismo criterio se tomó en todos los casos donde se registraron variancias genéticas negativas. La aparición de componentes de variancia negativos fue discutida en batata por Mariscal y Carpena (1988) y en otras especies por otros autores (Ver Introducción 1.5.2). En el grupo de poblaciones del cultivar Bolívar, se obtuvieron altos GDG para la variable rendimiento en raíces y diámetro de entrenudos (Cuadro 21).

Al comparar los resultados obtenidos en este estudio, con el de otros autores se debe considerar que cada uno fue obtenido en diferentes circunstancias experimentales y con poblaciones de diferente "background" genético. Al ser *Ipomoea batatas*, una especie tan polimórfica, la diversidad presente en cada material utilizado, afectará en gran medida la magnitud de los parámetros que se estimen. Se eligió para comparar sólo los grados de determinación genética (GDG), ya que, debido a los efectos genéticos confundidos que incluye, no sería válido compararlos con otros tipos de parámetros genéticos, como, por ejemplo, la heredabilidad en sentido estricto.

Los GDG obtenidos por otros autores, deberían ser de magnitudes similares a los que surgen del análisis general de este estudio, ya que están realizados sobre clones provenientes de progenies derivadas del libre entrecruzamiento de padres seleccionados (Jones, 1969, 1986)(Vargas y Luciani, 1989), en cambio los parámetros obtenidos dentro de cada cultivar, deberían ser menores, ya que cada uno de éstos se originó, en teoría, de la multiplicación de un solo genotipo (Ver Introducción, Tablas 6 a 9).

Los grados de determinación genética para rendimiento en raíces, son menores en el ANVA general (0.57) y para el cv. Morada (0.47) y mayores en el cv. Bolívar (0.78), al valor de 0.71, hallado por Jones (1969 *b*), mientras que la estimación realizada por Vargas y Luciani (1985), fue de 0.15. Para número de raíces por planta, los valores obtenidos en cada cultivar, es del orden del registrado por Jones, (0.40), en 1986, en el análisis general el GDG para esta variable, fue de 0.60, existen otras estimaciones al respecto por parte de Jones (1969 *b*) y Vargas y Luciani (1989), quienes obtuvieron valores de 0.73 y 0.16 respectivamente.

En cuanto al porcentaje de materia seca, el GDG obtenido en el análisis general (0.64), coincide con el obtenido por Vargas y Luciani (0.69), en 1989; en el caso de cada cultivar este valor fue bajo (0.13 en Morada y 0.34 en Bolívar)(Ver Introducción Tabla 7). En cuanto al resto de los caracteres relacionados con el rendimiento, se registró un alto valor de GDG, para rendimiento en materia seca (0.67 y 0.44, en el análisis general y en el cv. Morada respectivamente), pero bajo en el cv. Bolívar; el valor obtenido para peso individual de raíces fue bajo en los 3 casos.

La variable porcentaje de la pulpa color púrpura registró valores muy altos de GDG (0.91), si bien no se trata de los mismos pigmentos, este valor es comparable con el obtenido por Jones (0.97) en 1969 y Vargas y Luciani, (0.70) en 1989; esto indica que es un carácter poco influenciado por el ambiente y buen indicador de variabilidad genética entre clones (Ver Introducción, Tabla 6).

En cuanto a los caracteres de guía, para peso fresco de la biomasa aérea, se obtuvieron valores de GDG entre 0.50 y 0.46, siempre superiores al registrado por Vargas y Luciani, (0.26) en 1989. Para longitud media de guías, el GDG fue de 0.84 y cerca de 0.40 en ambos cv., para este carácter la bibliografía cita valores mayores a 0.90 (Jones, 1969 a). Para diámetro de entrenudos, los valores de GDG para el análisis general y en los cv. Morada y Bolívar, fueron de 0.91, 0.29 y 0.71 respectivamente, Vargas y Luciani en 1989, encontraron valores de 0.60. También para longitud de entrenudos, se obtuvo un alto valor de GDG, (0.93), coincidiendo con los obtenidos por Jones en 1969, (0.94), en sendos cultivares, este valor fluctuó entre 0.38 y 0.25, más acorde a las estimaciones de 0.42 realizadas por Vargas y Luciani (1989)(Ver Introducción Tabla 8). Las variables longitud de la lámina y del peciolo, presentaron valores de GDG cercanos a 0.60 en el análisis general, 0.30 en el cv. Morada y 0.40 en Bolívar, para la primera Jones (1969 a), estimó valores de GDG de 0.92. También la variable número de lóbulos por hoja, presentó mayores valores en el análisis general (0.83), que en cada cultivar (0 y 0.44, para Morada y Bolívar respectivamente).

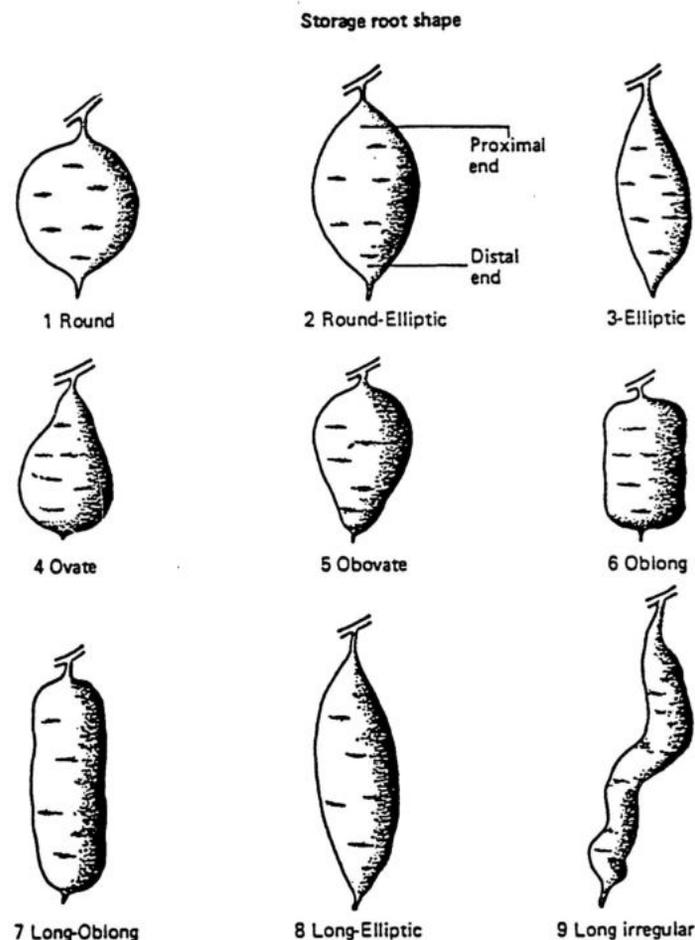
El GDG obtenido para coeficiente de partición, fue de 0.52 en el análisis general, 0.48 en Morada y 0.33 en Bolívar. Por último, el área bajo la curva de la enfermedad, mostró valores de GDG de alrededor del 0.40 en el análisis general y en Bolívar y cercanos a cero en Morada.

Como se puede observar en el cuadro 19, los valores de GDG son altos para todas las variables en el análisis general, debido a las grandes diferencias que existen entre clones pertenecientes a los distintos cultivares. En cada cultivar (Cuadros 20 y 21), si bien los valores son más bajos, presentan magnitudes comparables a los citados por autores, trabajando con clones provenientes de semilla originada por libre entrecruzamiento de padres seleccionados.

3.4. Respuesta esperada a la selección

Para las variables relacionadas con el rendimiento los valores de respuesta a la selección, tanto absolutos (R), como relativos, (R%), son bajos para los dos cultivares (Cuadro 22). En el cultivar Morada las variables que presentan datos más alentadores son: coeficiente de partición, rendimiento en materia seca y longitud media de guías, el porcentaje de pulpa color púrpura, concorde a sus altos valores de GDG, muestra también altas respuestas a la selección. La variable número de raíces por planta muestra valores de (R%) relativamente altos para los dos cultivares.

Fig. 4. Formas de la raíz. (Extraído de los descriptores de Huamán, 1987)



Cuadro 19. Estimaciones de componentes de variancia genotípicas (σ^2_g), fenotípicas (σ^2_f), coeficiente de variación (CV), coeficiente de variación genético (CV_g) y grado de determinación genética (GDG) con su correspondiente desvío típico para el análisis general.

Carácter	σ^2_g	σ^2_f	Media \pm S _{media}	CV CV _g	GDG \pm S _{GDG}
Rendimiento en raíces	0.04 **	0.07	8.676 \pm 0.16	3.26 2.31	0.57 \pm 0.017
Rendimiento en materia seca	0.32 **	0.48	6.494 \pm 0.40	10.78 8.71	0.67 \pm 0.023
Porcentaje de materia seca	5.26 **	8.24	34.79 \pm 1.73	8.59 6.59	0.64 \pm 0.025
Número de raíces por planta	0.26 **	0.43	2.66 \pm 0.41	26.80 19.17	0.60 \pm 0.016
Peso individual de raíces	0.03 **	0.11	5.841 \pm 0.29	8.56 2.97	0.27 \pm 0.021
Peso fresco bio-masa aérea	0.03 **	0.06	9.202 \pm 0.17	3.26 1.88	0.50 \pm 0.018
Peso raíces/peso biomasa total	25.95 **	49.56	34.21 \pm 4.86	24.60 14.89	0.52 \pm 0.018
Longitud media guías	710.13 **	841.76	88.20 \pm 11.47	22.53 30.21	0.84 \pm 0.007
Longitud lámina de la hoja	0.59 **	1.10	12.27 \pm 0.72	10.11 6.26	0.54 \pm 0.018
Longitud del peciolo	6.67 **	9.69	20.74 \pm 1.74	14.49 12.45	0.69 \pm 0.014
Longitud de entrenudos	0.13 **	0.14	1.271 \pm 0.10	13.63 28.37	0.93 \pm 0.003
Diámetro de entrenudos	1.10 **	1.21	7.14 \pm 0.33	8.04 14.69	0.91 \pm 0.004
Número de lóbulos por hoja	0.05 **	0.06	2.15 \pm 0.10	8.05 10.40	0.83 \pm 0.008
Area bajo la curva de la enfermedad	0.00014 **	0.0004	6.951 \pm 0.01	0.37 0.17	0.40 \pm 0.020

(**) Componentes de variancia cuyos cuadrados medios resultaron altamente significativos ($P < 0.01$), (*) Componentes de variancia cuyos cuadrados medios resultaron significativos ($P < 0.05$), (ns) Componentes de variancia cuyos cuadrados medios resultaron no significativos.

Cuadro 20. CULTIVAR MORADA Estimaciones de componentes de variancia genotípicas (σ^2_g), fenotípicas (σ^2_f), coeficiente de variación (CV), coeficiente de variación genético (CV_g) y grado de determinación genética (GDG) con su correspondiente desvío típico.

Carácter	σ^2_g	σ^2_f	Media \pm S _{media}	CV CV _g	GDG \pm S _{GDG}
Rendimiento en raíces	0.018 **	0.038	8.58 \pm 0.14	2.84 1.56	0.47 \pm 0.027
Rendimiento en materia seca	0.14 **	0.32	6.250 \pm 0.43	11.86 5.99	0.44 \pm 0.045
Porcentaje de materia seca	0.41 ns	3.14	35.09 \pm 1.65	8.15 1.82	0.13 \pm 0.047
Número de raíces por planta	0.067 **	0.205	2.31 \pm 0.37	27.86 11.21	0.33 \pm 0.029
Pulpa de raíz color púrpura	845.68 **	928.41	124.48 \pm 9.10	12.66 23.36	0.91 \pm 0.007
Peso individual de raíces	0.03 **	0.12	5.830 \pm 0.30	8.99 2.97	0.25 \pm 0.029
Peso fresco bio-masa aérea	0.107 **	0.208	8.670 \pm 0.32	6.33 3.77	0.51 \pm 0.026
Peso raíces/peso biomasa total	18.13 **	38.01	30.86 \pm 4.46	25.03 13.80	0.48 \pm 0.026
Longitud media guías	46.19 **	121.50	63.92 \pm 8.68	23.51 10.63	0.38 \pm 0.028
Longitud lámina de la hoja	0.144 **	0.524	12.28 \pm 0.62	8.69 3.09	0.27 \pm 0.029
Longitud del pecíolo	1.376 **	4.343	23.04 \pm 1.72	12.95 5.09	0.32 \pm 0.029
Longitud de entrenudos	0.006 **	0.016	0.920 \pm 0.10	18.25 8.42	0.38 \pm 0.028
Diámetro de entrenudos	0.048 **	0.168	8.15 \pm 0.35	7.37 2.69	0.29 \pm 0.029
Número de lóbulos por hoja	0 **		2.22 \pm 0.05	3.87	
Area bajo la curva de la enfermedad	0 ns		6.946 \pm 0.015	0.38	

Cuadro 21. CULTIVAR BOLIVAR . Estimaciones de componentes de variancia genóticas (σ^2_g), fenotípicas (σ^2_f), coeficiente de variación (CV), coeficiente de variación genético (CV_g) y grado de determinación genética (GDG) con su correspondiente desvío típico.

Carácter	σ^2_g	σ^2_f	Media \pm S _{media}	CV CV _g	GDG \pm S _{GDG}
Rendimiento en raíces	0.124 **	0.159	8.930 \pm 0.19	3.62 3.94	0.78 \pm 0.016
Rendimiento en materia seca	0.016 ns	0.149	6.960 \pm 0.37	9.06 1.82	0.11 \pm 0.052
Porcentaje de materia seca	0.951 *	2.774	35.82 \pm 1.35	6.53 2.72	0.34 \pm 0.053
Número de raíces por planta	0.157 **	0.360	3.19 \pm 0.45	24.46 12.42	0.44 \pm 0.031
Peso individual de raíces	0.022 **	0.079	5.900 \pm 0.24	7.01 2.53	0.28 \pm 0.033
Peso fresco bio-masa aérea	0.073 **	0.16	8.820 \pm 0.29	5.80 3.06	0.46 \pm 0.030
Peso raíces/peso biomasa total	12.10 **	36.76	38.31 \pm 4.97	22.46 9.08	0.33 \pm 0.032
Longitud media guías	158.20 **	341.56	117.68 \pm 13.54	19.93 10.69	0.46 \pm 0.030
Longitud lámina de la hoja	0.387 **	0.997	12.70 \pm 0.78	10.65 4.90	0.39 \pm 0.032
Longitud del pecíolo	2.127 **	4.960	18.90 \pm 1.68	15.42 7.72	0.43 \pm 0.031
Longitud de entrenudos	0.0037 **	0.015	1.670 \pm 0.11	11.00 3.64	0.25 \pm 0.033
Diámetro de entrenudos	0.224 **	0.316	6.34 \pm 0.30	8.26 7.47	0.71 \pm 0.020
Número de lóbulos por hoja	0.014 **	0.032	1.78 \pm 0.13	12.98 6.65	0.44 \pm 0.031
Area bajo la curva de la enfermedad	0.00012 **	0.0003	6.956 \pm 0.014	0.35 0.16	0.39 \pm 0.032

(**) Componentes de variancia cuyos cuadrados medios resultaron altamente significativos ($P < 0.01$), (*) Componentes de variancia cuyos cuadrados medios resultaron significativos ($P < 0.05$), (ns) Componentes de variancia cuyos cuadrados medios resultaron no significativos.

Cuadro 22. Respuesta esperada absoluta (R) y relativa (R %) y relación CV_g/CV para las variables cuantitativas analizadas en los cvs. Morada y Bolívar.

Carácter	MORADA			BOLIVAR		
	R	R(%)	CV_g/CV	R	R(%)	CV_g/CV
Rendimiento en raíces	0.19 0.11	2.20 1.24	0.55	0.64 0.36	7.21 4.05	1.09
Rendimiento en materia seca	0.52 0.29	8.28 4.65	0.51	0.09 0.05	1.27 0.71	0.20
Porcentaje de materia seca	0.47 0.41	1.35 0.76	0.22	1.17 0.66	3.27 1.84	0.42
Núm. de raíces por planta	0.31 0.17	13.26 7.45	0.40	0.54 0.31	17.07 9.59	0.51
% pulpa color púrpura	57.91 32.14	45.95 25.82	1.85			
Peso de raíces	0.18 0.10	3.10 1.74	0.33	0.16 0.09	2.74 1.54	0.36
Peso fresco biomasa aérea	0.48 0.27	5.58 3.14	0.60	0.38 0.21	4.30 2.42	0.53
Partición	6.11 3.43	19.80 11.12	0.55	4.12 2.32	10.77 6.05	0.40
Longitud media de guías	8.64 4.85	13.51 7.59	0.45	17.53 9.85	14.90 8.37	0.54
Longitud lámina hoja	0.40 0.23	3.27 1.83	0.36	0.80 0.45	6.33 3.56	0.46
Longitud del peciolo	1.37 0.77	5.96 3.35	0.39	1.98 1.11	10.47 5.88	0.50
Longitud de entrenudos	0.10 0.06	10.87 6.52	0.46	0.06 0.03	3.71 2.08	0.33
Diámetro de entrenudos	0.25 0.14	3.07 1.72	0.36	0.82 0.46	12.94 7.27	0.90
Número de lóbulos hoja				0.16 0.09	9.12 5.16	0.51
Area bajo la curva						

Valores superiores e inferiores de R y R (%) correspondientes a intensidades de selección del 5 y 30 % respectivamente.

3.5. Parámetros genéticos dentro de poblaciones

En el cuadro 23 se puede ver un resumen de los casos en que se registraron significancias estadísticas para los componentes genéticos en cada una de las poblaciones estudiadas. De las variables analizadas en el cultivar Bolívar, aquellas que arrojaron diferencias genéticas estadísticamente significativas, dentro de poblaciones, en tres de las cuatro poblaciones analizadas, fueron: **peso fresco de la biomasa aérea, coeficiente de partición, longitud del peciolo, longitud y diámetro de entrenudos**; mientras que las variables número de lóbulos por hoja, número de raíces por planta y peso individual de raíces, lo hicieron en dos de los casos analizados (Cuadros 24 al 27). En el cultivar Morada la variable **porcentaje de pulpa color púrpura**, mostró variabilidad genética significativa dentro de poblaciones, en la totalidad de los casos analizados, **longitud de la lámina de la hoja**, en tres de las cinco y **rendimiento y peso individual de raíces, peso fresco de la biomasa aérea y área bajo la curva de progreso de la enfermedad** en dos (Cuadros 28 al 32). Por último, en el cultivar Rojo y Blanco, se obtuvieron altos GDG para las variables **número de raíces por planta** (0.66), **coeficiente de partición** (0.57) y **rendimiento en materia seca** (0.80) (Cuadro 33).

Cuadro 23. Resumen de significancias estadísticas para la variancia genética dentro de poblaciones para cada población.

	MORADA					BOLIVAR				
POBLACIONES	1	2	3	7	8	4	5	6	9	10
Variables										
Rendimiento en raíces	ns	**	*	ns	ns	ns	*	ns	ns	ns
Rendimiento en materia seca	ns	ns	ns	ns	**	ns	*	ns	ns	*
Porcentaje de materia seca	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns
Número de raíces por planta	ns	**	ns	ns	ns	ns	*	*	ns	*
Peso individual por raíz	*	*	ns	ns	ns	ns	*	*	ns	ns
Biomasa aérea (peso fresco)	ns	**	ns	ns	*	**	*	ns	**	ns
Coeficiente de partición	**	*	ns	*	ns	*	*	*	ns	**
Longitud de guías	ns	**	ns	ns	ns	**	ns	ns	ns	ns
Longitud de entrenudos	ns	ns	ns	ns	**	*	*	ns	ns	*
Diámetro de entrenudos	ns	*	ns	ns	ns	**	**	**	ns	ns
Longitud de la lámina	*	*	*	ns	ns	*	ns	ns	ns	ns
Longitud del peciolo	ns	**	ns	ns	ns	**	**	*	ns	ns
Número de lóbulos por hoja	ns	ns	ns	ns	**	**	ns	ns	*	**
Area bajo la curva	**	ns	ns	ns	*	ns	ns	ns	ns	ns
Porcentaje de pulpa púrpura	*	**	**	**	**	-	-	-	-	-

** Significativo con P< 0.01, * Significativo con P<0.05, ns No significativo.

Cuadro 24. POB. 4 BOLIVAR DEGLIANTONI. Estimaciones de componentes de variancia genotípicas (σ^2_g), fenotípicas (σ^2_f), coeficiente de variación (CV), coeficiente de variación genético (CV_g) y grado de determinación genética (GDG) con su correspondiente desvío típico.

Carácter	σ^2_g	σ^2_f	Media \pm S _{media}	CV CV _g	GDG \pm S _{GDG}
Rendimiento en raíces	0 ns		8.790 \pm 0.17	3.32	
Rendimiento en materia seca	0 ns		6.860 \pm 0.24	6.18	
Porcentaje de materia seca	0.60 ns	2.74	30.59 \pm 1.46	8.28 2.53	0.22 \pm 0.108
Número de raíces por planta	0.039 ns	0.264	3.09 \pm 0.47	26.53 6.39	0.15 \pm 0.064
Peso individual de raíces	0 ns		5.820 \pm 0.23	6.72	
Peso fresco bio-masa aérea	0.059 **	0.072	9.07 \pm 0.12	2.22 2.67	0.82 \pm 0.028
Peso raíces/peso biomasa total	24.53 *	50.67	38.68 \pm 5.11	22.89 12.80	0.48 \pm 0.059
Longitud media guías	234.00 **	351.00	123.16 \pm 10.82	15.20 12.42	0.67 \pm 0.031
Longitud lámina de la hoja	0.269 *	0.687	11.98 \pm 0.65	9.30 4.33	0.39 \pm 0.063
Longitud del pecíolo	3.130 **	5.450	18.32 \pm 1.52	14.42 9.70	0.57 \pm 0.053
Longitud de entrenudos	0.0063 *	0.014	5.840 \pm 0.09	9.02 1.36	0.44 \pm 0.061
Diámetro de entrenudos	0.112 **	0.168	5.72 \pm 0.24	7.20 5.85	0.67 \pm 0.031
Número de lóbulos por hoja	0.028 **	0.046	1.67 \pm 0.14	14.10 10.00	0.61 \pm 0.050
Area bajo la curva de la enfermedad	0.000003 ns	0.0002	6.956 \pm 0.013	0.31 0.02	0.019 \pm 0.059

(**) Componentes de variancia cuyos cuadrados medios resultaron altamente significativos (P < 0.01), (*) Componentes de variancia cuyos cuadrados medios resultaron significativos (P < 0.05), (ns) Componentes de variancia cuyos cuadrados medios resultaron no significativos.

Cuadro 25. POB. 5 BOLIVAR MOVIGLIA. Estimaciones de componentes de variancia genotípicas (σ^2_g), fenotípicas (σ^2_f), coeficiente de variación (CV), coeficiente de variación genético (CV_g) y grado de determinación genética (GDG) con su correspondiente desvío típico.

Carácter	σ^2_g	σ^2_f	Media \pm S _{media}	CV CV _g	GDG \pm S _{GDG}
Rendimiento en raíces	0.0273 *	0.060	8.990 \pm 0.18	3.51 1.84	0.46 \pm 0.06
Rendimiento en materia seca	0.193 *	0.320	6.860 \pm 0.36	9.02 6.40	0.60 \pm 0.085
Porcentaje de materia seca	0 ns		27.74 \pm 1.96	12.27	
Número de raíces por planta	0.120 *	0.284	3.03 \pm 0.40	23.15 11.43	0.42 \pm 0.103
Peso individual de raíces	0.063 *	0.123	6.000 \pm 0.24	7.05 4.18	0.51 \pm 0.057
Peso fresco bio-masa aérea	0.0256 *	0.053	9.25 \pm 0.16	3.07 1.73	0.48 \pm 0.059
Peso raíces/peso biomasa total	18.73 *	40.55	38.79 \pm 4.67	20.86 11.16	0.46 \pm 0.060
Longitud media guías	94.37 ns	242.22	115.18 \pm 12.16	18.29 8.43	0.39 \pm 0.063
Longitud lámina de la hoja	0.305 ns	0.988	13.03 \pm 0.83	10.90 4.23	0.31 \pm 0.065
Longitud del pecíolo	3.197 **	5.447	19.51 \pm 1.50	13.30 9.16	0.59 \pm 0.052
Longitud de entrenudos	0.0057 *	0.013	1.660 \pm 0.08	8.10 4.55	0.45 \pm 0.060
Diámetro de entrenudos	0.125 **	0.215	6.67 \pm 0.30	7.80 5.30	0.58 \pm 0.053
Número de lóbulos por hoja	0 ns		1.83 \pm 0.16	14.90	
Area bajo la curva de la enfermedad	0 ns		6.968 \pm 0.011	0.28	

(**) Componentes de variancia cuyos cuadrados medios resultaron altamente significativos ($P < 0.01$), (*) Componentes de variancia cuyos cuadrados medios resultaron significativos ($P < 0.05$), (ns) Componentes de variancia cuyos cuadrados medios resultaron no significativos.

Cuadro 26. POB. 6 BOLIVAR TORINO. Estimaciones de componentes de variancia genotípicas (σ^2_g), fenotípicas (σ^2_f), coeficiente de variación (CV), coeficiente de variación genético (CV_g) y grado de determinación genética (GDG) con su correspondiente desvío típico.

Carácter	σ^2_g	σ^2_f	Media \pm S _{media}	CV CV _g	GDG \pm S _{GDG}
Rendimiento en raíces	0.0290 ns	0.076	8.870 \pm 0.22	4.25 1.92	0.38 \pm 0.06
Rendimiento en materia seca	0 ns		6.930 \pm 0.43	10.81	
Porcentaje de materia seca	1.31 ns	3.77	29.35 \pm 1.57	9.25 3.90	0.35 \pm 0.11
Número de raíces por planta	0.175 *	0.424	2.93 \pm 0.50	29.49 14.26	0.41 \pm 0.062
Peso individual de raíces	0.060 *	0.113	5.910 \pm 0.23	6.87 4.14	0.53 \pm 0.056
Peso fresco bio- masa aérea	0 ns		9.22 \pm 0.25	4.72	
Peso raíces/peso biomasa total	20.89 *	43.45	36.39 \pm 4.75	22.61 12.56	0.48 \pm 0.059
Longitud media guías	0 ns		102.64 \pm 19.40	32.74	
Longitud lámina de la hoja	0.288 ns	0.994	12.57 \pm 0.84	11.60 4.27	0.29 \pm 0.065
Longitud del pecíolo	2.436 *	4.973	18.24 \pm 1.59	15.10 8.56	0.49 \pm 0.059
Longitud de entrenudos	0.0013 ns	0.016	1.590 \pm 0.12	13.36 2.27	0.08 \pm 0.062
Diámetro de entrenudos	0.196 **	0.283	6.34 \pm 0.30	8.07 7.00	0.69 \pm 0.043
Número de lóbulos por hoja	0.005 ns	0.022	1.79 \pm 0.13	12.83 3.95	0.23 \pm 0.065
Area bajo la curva de la enfermedad	0 ns		6.943 \pm 0.020	0.42	

(**) Componentes de variancia cuyos cuadrados medios resultaron altamente significativos ($P < 0.01$), (*) Componentes de variancia cuyos cuadrados medios resultaron significativos ($P < 0.05$), (ns) Componentes de variancia cuyos cuadrados medios resultaron no significativos.

Cuadro 27. POB. 9 BOLIVAR INTA. Estimaciones de componentes de variancia genotípicas (σ^2_g), fenotípicas (σ^2_f), coeficiente de variación (CV), coeficiente de variación genético (CV_g) y grado de determinación genética (GDG) con su correspondiente desvío típico.

Carácter	σ^2_g	σ^2_f	Media± S _{media}	CV CV _g	GDG± S _{GDG}
Rendimiento en raíces	0.0078 ns	0.030	9.050 ± 0.15	2.83 0.98	0.26 ± 0.03
Rendimiento en materia seca	0.013 ns	0.093	7.170 ± 0.28	6.89 1.59	0.14 ± 0.05
Porcentaje de materia seca	0.083 ns	0.54	29.91 ± 0.68	3.91 0.96	0.15 ± 0.05
Número de raíces por planta	0.033 ns	0.194	3.66 ± 0.40	19.03 4.96	0.17 ±0.032
Peso individual de raíces	0 ns		5.880 ± 0.19	5.58	
Peso fresco bio-masa aérea	0.0103 **	0.020	9.35 ± 0.10	1.77 1.09	0.53 ±0.028
Peso raíces/peso biomasa total	0 ns		39.14 ± 3.64	16.13	
Longitud media guías	0 ns		128.19 ±9.72	13.13	
Longitud lámina de la hoja	0.007 ns	0.560	13.22 ± 0.74	9.75 0.63	0.01 ±0.029
Longitud del peciolo	0 ns		19.5 ± 1.99	17.64	
Longitud de entrenudos	0 ns		1.680 ± 0.12	12.07	
Diámetro de entrenudos	0 ns		6.64 ± 0.26	6.81	
Número de lóbulos por hoja	0.009 *	0.019	1.83 ± 0.10	9.70 5.18	0.47 ±0.030
Area bajo la curva de la enfermedad	0.00005 ns	0.0002	6.967 ±0.010	0.33 0.10	0.22 ±0.033

(**) Componentes de variancia cuyos cuadrados medios resultaron altamente significativos ($P < 0.01$), (*) Componentes de variancia cuyos cuadrados medios resultaron significativos ($P < 0.05$), (ns) Componentes de variancia cuyos cuadrados medios resultaron no significativos.

Cuadro 28. POB. 1 MORADA MIRADA. Estimaciones de componentes de variancia genóticas (σ^2_g), fenotípicas (σ^2_f), coeficiente de variación (CV), coeficiente de variación genético (CV_g) y grado de determinación genética (GDG) con su correspondiente desvío típico.

Carácter	σ^2_g	σ^2_f	Media \pm S _{media}	CV CV _g	GDG \pm S _{GDG}
Rendimiento en raíces	0.012 ns	0.033	8.54 \pm 0.15	2.94 1.27	0.36 \pm 0.032
Rendimiento en materia seca	0 ns		6.360 \pm 0.39	10.55	
Porcentaje de materia seca	0.627 ns	2.104	29.54 \pm 1.22	7.12 2.68	0.30 \pm 0.054
Número de raíces por planta	0.007 ns	0.152	2.23 \pm 0.38	29.60 3.83	0.05 \pm 0.030
Pulpa de raíz color púrpura	18.28 *	40.96	102.39 \pm 4.76	8.06 4.18	0.45 \pm 0.030
Peso individual de raíces	0.083 *	0.17	5.820 \pm 0.29	8.73 4.95	0.49 \pm 0.029
Peso fresco bio-masa aérea	0.012 ns	0.039	9.030 \pm 0.16	3.14 1.21	0.31 \pm 0.032
Peso raíces/peso biomasa total	18.98 **	33.50	32.57 \pm 3.81	20.40 13.38	0.57 \pm 0.053
Longitud media guías	20.10 ns	104.60	56.33 \pm 9.19	28.30 7.96	0.19 \pm 0.032
Longitud lámina de la hoja	0.233 *	0.537	12.182 \pm 0.55	7.81 3.96	0.43 \pm 0.031
Longitud del pecíolo	0.923 ns	3.070	24.202 \pm 1.46	10.48 3.97	0.30 \pm 0.032
Longitud de entrenudos	0.0023 ns	0.012	0.948 \pm 0.10	17.99 5.06	0.19 \pm 0.032
Diámetro de entrenudos	0.033 ns	0.134	7.97 \pm 0.32	6.92 2.27	0.24 \pm 0.033
Número de lóbulos por hoja	0 ns		2.24 \pm 0.04	3.46	
Area bajo la curva de la enfermedad	0.0003 **	0.0004	6.945 \pm 0.010	0.33 0.23	0.59 \pm 0.026

(**) Componentes de variancia cuyos cuadrados medios resultaron altamente significativos (P < 0.01), (*) Componentes de variancia cuyos cuadrados medios resultaron significativos (P < 0.05), (ns) Componentes de variancia cuyos cuadrados medios resultaron no significativos.

Cuadro 29. POB. 2 MORADA PARRA. Estimaciones de componentes de variancia genotípicas (σ^2_g), fenotípicas (σ^2_f), coeficiente de variación (CV), coeficiente de variación genético (CV_g) y grado de determinación genética (GDG) con su correspondiente desvío típico.

Carácter	σ^2_g	σ^2_f	Media \pm S _{media}	CV CV _g	GDG \pm S _{GDG}
Rendimiento en raíces	0.0214 **	0.040	8.43 \pm 0.14	2.78 1.74	0.54 \pm 0.028
Rendimiento en materia seca	0 ns		6.340 \pm 0.39	10.63	
Porcentaje de materia seca	0.707 ns	2.104	29.53 \pm 0.18	6.94 2.85	0.34 \pm 0.053
Número de raíces por planta	0.187 **	0.360	2.12 \pm 0.42	34.08 20.49	0.52 \pm 0.028
Pulpa de raíz color púrpura	886.07 **	986.22	144.44 \pm 10.0	12.00 20.61	0.90 \pm 0.008
Peso individual de raíces	0.050 *	0.10	5.670 \pm 0.22	6.94 3.94	0.50 \pm 0.029
Peso fresco biomasa aérea	0.065 **	0.104	9.090 \pm 0.20	3.77 2.80	0.62 \pm 0.025
Peso raíces/peso biomasa total	15.80 *	39.48	25.13 \pm 4.87	33.55 15.82	0.40 \pm 0.063
Longitud media guías	72.80 **	138.30	61.60 \pm 8.09	22.76 13.85	0.53 \pm 0.028
Longitud lámina de la hoja	0.363 *	0.852	12.320 \pm 0.70	9.80 4.89	0.43 \pm 0.031
Longitud del pecíolo	3.437 **	5.770	21.560 \pm 1.53	12.30 8.60	0.60 \pm 0.026
Longitud de entrenudos	0.0063 ns	0.0163	0.836 \pm 0.10	20.63 9.49	0.39 \pm 0.032
Diámetro de entrenudos	0.090 *	0.211	8.25 \pm 0.35	7.31 3.64	0.43 \pm 0.031
Número de lóbulos por hoja	0.001 ns	0.004	2.20 \pm 0.06	4.33 1.42	0.24 \pm 0.033
Area bajo la curva de la enfermedad	0.00001 ns	0.0003	6.943 \pm 0.020	0.40 0.05	0.05 \pm 0.030

(**) Componentes de variancia cuyos cuadrados medios resultaron altamente significativos ($P < 0.01$), (*) Componentes de variancia cuyos cuadrados medios resultaron significativos ($P < 0.05$), (ns) Componentes de variancia cuyos cuadrados medios resultaron no significativos.

Cuadro 30. POB. 3 MORADA GALLINA. Estimaciones de componentes de variancia genotípicas (σ^2_g), fenotípicas (σ^2_f), coeficiente de variación (CV), coeficiente de variación genético (CV_g) y grado de determinación genética (GDG) con su correspondiente desvío típico.

Carácter	σ^2_g	σ^2_f	Media \pm S _{media}	CV CV _g	GDG \pm S _{GDG}
Rendimiento en raíces	0.0142 *	0.031	8.59 \pm 0.13	2.58 1.39	0.46 \pm 0.060
Rendimiento en materia seca	0.09 ns	0.25	6.100 \pm 0.40	11.36 4.92	0.36 \pm 0.106
Porcentaje de materia seca	0 ns		26.25 \pm 1.96	12.93	
Número de raíces por planta	0.006 ns	0.123	2.35 \pm 0.34	25.20 3.30	0.05 \pm 0.061
Pulpa de raíz color púrpura	1152.42 **	1207.6	153.90 \pm 7.43	8.36 22.06	0.95 \pm 0.008
Peso individual de raíces	0.007 ns	0.10	5.730 \pm 0.31	9.20 1.46	0.07 \pm 0.062
Peso fresco bio-masa aérea	0 ns		9.260 \pm 0.17	3.19	
Peso raíces/peso biomasa total	1.73 ns	18.03	29.54 \pm 4.04	23.67 4.45	0.10 \pm 0.063
Longitud media guías	0 ns		67.26 \pm 8.48	21.80	
Longitud lámina de la hoja	0.176 *	0.453	12.410 \pm 0.53	7.30 3.38	0.39 \pm 0.063
Longitud del pecíolo	0 ns		23.610 \pm 1.64	12.00	
Longitud de entrenudos	0.0027 ns	0.0117	0.949 \pm 0.10	17.28 5.48	0.23 \pm 0.065
Diámetro de entrenudos	0.051 ns	0.158	8.32 \pm 0.33	6.83 2.71	0.32 \pm 0.065
Número de lóbulos por hoja	0 ns		2.20 \pm 0.06	4.60	
Area bajo la curva de la enfermedad	0.00003 ns	0.0003	6.956 \pm 0.015	0.37 0.08	0.10 \pm 0.063

(**) Componentes de variancia cuyos cuadrados medios resultaron altamente significativos ($P < 0.01$), (*) Componentes de variancia cuyos cuadrados medios resultaron significativos ($P < 0.05$), (ns) Componentes de variancia cuyos cuadrados medios resultaron no significativos.

Cuadro 31. POB. 7 MORADA TORINO. Estimaciones de componentes de variancia genóticas (σ^2_g), fenotípicas (σ^2_f), coeficiente de variación (CV), coeficiente de variación genético (CV_g) y grado de determinación genética (GDG) con su correspondiente desvío típico.

Carácter	σ^2_g	σ^2_f	Media± S _{media}	CV CV _g	GDG± S _{GDG}
Rendimiento en raíces	0.0070 ns	0.024	8.64 ± 0.13	2.65 0.97	0.29 ±0.065
Rendimiento en materia seca	0 ns		6.460 ± 0.49	13.04	
Porcentaje de materia seca	0 ns		29.81 ± 1.44	8.36	
Número de raíces por planta	0.043 ns		2.40 ± 0.31	22.07 8.64	0.31 ±0.065
Pulpa de raíz color púrpura	198.38 **	291.02	110.38 ± 9.63	15.10 12.76	0.68 ±0.044
Peso individual de raíces	0.010 ns	0.093	5.890 ± 0.29	8.52 1.70	0.11 ±0.063
Peso fresco bio-masa aérea	0.004 ns	0.019	9.200 ± 0.13	2.36 0.69	0.21 ±0.065
Peso raíces/peso biomasa total	24.53 *	50.67	38.68 ± 3.28	22.89 12.80	0.48 ±0.059
Longitud media guías	9.307 ns	65.25	70.36 ± 7.48	18.41 4.34	0.14 ±0.064
Longitud lámina de la hoja	0.065 ns	0.349	12.410 ± 0.53	7.40 2.05	0.19 ±0.065
Longitud del pecíolo	0 ns		23.810 ± 1.45	10.50	
Longitud de entrenudos	0 ns		2.770 ± 0.09	16.40	
Diámetro de entrenudos	0.019 ns	0.166	8.18 ± 0.38	8.13 1.69	0.11 ±0.063
Número de lóbulos por hoja	0.00013 ns	0.002	2.22 ± 0.05	3.60 0.51	0.07 ±0.062
Area bajo la curva de la enfermedad	0.00006 ns	0.0003	6.944 ±0.016	0.40 0.11	0.20 ±0.065

(**) Componentes de variancia cuyos cuadrados medios resultaron altamente significativos ($P < 0.01$), (*) Componentes de variancia cuyos cuadrados medios resultaron significativos ($P < 0.05$), (ns) Componentes de variancia cuyos cuadrados medios resultaron no significativos.

Cuadro 32. POB. 8. MORADA INTA. Estimaciones de componentes de variancia genotípicas (σ^2_g), fenotípicas (σ^2_f), coeficiente de variación (CV), coeficiente de variación genético (CV_g) y grado de determinación genética (GDG) con su correspondiente desvío típico.

Carácter	σ^2_g	σ^2_f	Media \pm S _{media}	CV CV _g	GDG \pm S _{GDG}
Rendimiento en raíces	0.0050 ns	0.028	8.69 \pm 0.15	3.05 0.80	0.18 \pm 0.065
Rendimiento en materia seca	0.123 **	0.18	6.560 \pm 0.24	6.26 5.35	0.68 \pm 0.073
Porcentaje de materia seca	0.487 ns	1.38	29.48 \pm 0.95	5.55 2.37	0.35 \pm 0.064
Número de raíces por planta	0.079 ns	0.208	2.44 \pm 0.36	25.60 11.52	0.38 \pm 0.063
Pulpa de raíz color púrpura	201.29 **	313.05	110.93 \pm 10.6	16.51 12.79	0.64 \pm 0.048
Peso individual de raíces	0 ns		5.950 \pm 0.37	10.65	
Peso fresco bio-masa aérea	0.015 *	0.032	9.080 \pm 0.13	2.49 1.35	0.47 \pm 0.060
Peso raíces/peso biomasa total	9.33 ns	26.76	35.58 \pm 4.17	20.32 8.58	0.35 \pm 0.064
Longitud media guías	34.970 ns	124.55	64.36 \pm 9.46	25.50 9.19	0.28 \pm 0.065
Longitud lámina de la hoja	0 ns		12.130 \pm 0.66	9.36	
Longitud del pecíolo	1.07 ns	3.96	21.970 \pm 1.70	13.40	
Longitud de entrenudos	0.014 **	0.02	0.876 \pm 0.08	16.51 13.51	0.67 \pm 0.045
Diámetro de entrenudos	0.014 ns	0.122	8.05 \pm 0.33	7.08 1.47	0.11 \pm 0.063
Número de lóbulos por hoja	0.002 **	0.004	2.23 \pm 0.04	3.10 2.01	0.50 \pm 0.058
Area bajo la curva de la enfermedad	0.002 *	0.0004	6.941 \pm 0.015	0.38 0.20	0.50 \pm 0.058

(**) Componentes de variancia cuyos cuadrados medios resultaron altamente significativos (P < 0.01); (*) Componentes de variancia cuyos cuadrados medios resultaron significativos (P < 0.05), (ns) Componentes de variancia cuyos cuadrados medios resultaron no significativos.

Cuadro 33. POB. 10 ROJO Y BLANCO. Estimaciones de componentes de variancia genóticas (σ^2_g), fenotípicas (σ^2_f), coeficiente de variación (CV), coeficiente de variación genético (CV_g) y grado de determinación genética (GDG) con su correspondiente desvío típico.

Carácter	σ^2_g	σ^2_f	Media \pm S _{media}	CV CV _g	GDG \pm S _{GDG}
Rendimiento en raíces	0.0063 ns	0.024	8.63 \pm 0.13	2.70 0.92	0.26 \pm 0.065
Rendimiento en materia seca	0.235 *	0.295	5.14 \pm 0.25	8.27 9.43	0.80 \pm 0.050
Porcentaje de materia seca	0 ns		16.25 \pm 2.71	28.89	
Número de raíces por planta	0.196 **	0.297	2.30 \pm 0.32	23.98 19.25	0.66 \pm 0.046
Peso individual de raíces	0.018 ns	0.14	6.040 \pm 0.35	10.02 2.22	0.13 \pm 0.064
Peso fresco bio-masa aérea	0.007 ns	0.033	9.050 \pm 0.16	3.04 0.94	0.22 \pm 0.065
Peso raíces/peso biomasa total	22.07 **	38.59	34.95 \pm 4.06	20.15 13.44	0.57 \pm 0.053
Longitud media guías	24.350 ns	220.59	92.37 \pm 14.0	26.28 5.34	0.11 \pm 0.063
Longitud lámina de la hoja	0.001 ns	0.419	10.450 \pm 0.65	10.70 0.35	0.003 \pm 0.058
Longitud del pecíolo	0.253 ns	2.059	16.830 \pm 1.34	13.80 3.00	0.12 \pm 0.063
Longitud de entrenudos	0.006 *	0.013	1.460 \pm 0.08	10.03 5.17	0.45 \pm 0.061
Diámetro de entrenudos	0.052 ns	0.143	5.57 \pm 0.30	9.39 4.09	0.36 \pm 0.064
Número de lóbulos por hoja	0.007 **	0.013	2.19 \pm 0.08	5.95 3.82	0.54 \pm 0.056
Area bajo la curva de la enfermedad	0.00004 ns	0.0002	6.959 \pm 0.014	0.35 0.09	0.18 \pm 0.065

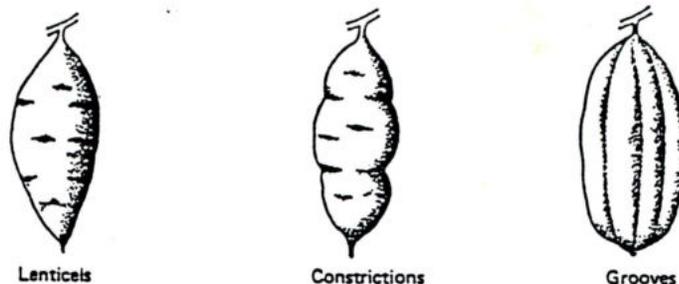
(**) Componentes de variancia cuyos cuadrados medios resultaron altamente significativos ($P < 0.01$), (*) Componentes de variancia cuyos cuadrados medios resultaron significativos ($P < 0.05$), (ns) Componentes de variancia cuyos cuadrados medios resultaron no significativos.

3.6. Test no paramétricos para caracteres cualitativos

Mientras que en el análisis general se encontraron diferencias significativas para un alto número de caracteres cualitativos, en el análisis por cultivar, éstas sólo se hicieron presentes en 2 caracteres en el cultivar Bolívar : pigmentación del envés y forma de la raíz, en el cultivar Morada no se registraron diferencias significativas para este tipo de variables (Cuadro 34); esta diferencia en los resultados del análisis general y el particular de cada cultivar, es debido a que gran parte de la variabilidad para estos caracteres se encuentra en la diferencia entre los distintos cultivares.

Dentro de cada población, el Test de Friedman en el grupo **BOLIVAR**, arrojó diferencias significativas para la variable pigmentación del envés en la población 5 (X^2 calculado = 47.79, X^2 tabulado ($P(0.005, gl = 30) = 43.77$), mientras que en la población 6 se obtuvieron diferencias altamente significativas para las variables pigmentación del envés y del pecíolo (X^2 calculado = 61.92 y 49.53 respectivamente, X^2 tabulado ($P(0.01, gl = 29) = 49.60$) y diferencias significativas para la variable tipo de lóbulo y perfil general de la hoja (X^2 calculado = 42.64 y 48.44 respectivamente, X^2 tabulado ($P(0.05, gl = 29) = 42.60$). En el grupo **MORADA** sólo se encontraron diferencias significativas para la variable forma de la raíz (X^2 calculado = 45.18, X^2 tabulado ($P(0.05, gl = 30) = 43.77$,) en la población 2 y altamente significativas para la variable distribución del color secundario anaranjado en la pulpa (X^2 calculado = 53.18, X^2 tabulado ($P(0.01, gl = 32) = 50.89$), en la población 7.

Fig. 5. Defectos de la raíz. De izquierda a derecha, lenticelas, constricciones horizontales y verticales. (Extraído de los descriptores de Huamán, 1987)



Cuadro 34. X^2 calculados entre poblaciones para el Test no paramétrico de Friedman, para el total de poblaciones (GENERAL) y para los grupos de poblaciones provenientes de los cultivares MORADA y BOLIVAR.

Carácter	GENERAL	MORADA	BOLIVAR
Tipo de lóbulo	25.69**	9.33ns	5.79ns
Forma del lóbulo	23.43**	4.97ns	1.00ns
Pigmentación del envés	25.39**	7.49ns	9.00*
Pigmentación del pecíolo	22.66**	1.52ns	5.79ns
Perfil general de la hoja	21.22**	0.75ns	1.79ns
Color secundario en la piel	10.27ns	3.53ns	5.79ns
Color secundario en la pulpa (1)	18.44*	3.08ns	3.11ns
Distribución del color secundario (1)	21.34*	3.75ns	1.88ns
Color secundario en la pulpa (2)	21.45*	3.53ns	0.00ns
Distribución del color secundario (2)	21.35*	3.39ns	0.00ns
Defecto en la raíz (1)	24.03**	3.39ns	7.02ns
Defecto en la raíz (2)	20.24*	7.93ns	6.53ns
Defecto en la raíz (3)	21.77**	2.92ns	1.00ns
Forma de la raíz	18.42*	4.53ns	8.20*
X^2 tabulado	gl= 9	gl= 4	gl= 3
P <0.05	16.92	9.488	7.82
P <0.01	21.67	13.280	11.34

(**) Significativo con probabilidad de error < 0.01, (*) Significativo con probabilidad de error < 0.05, (ns) No significativo, gl=grados de libertad.

Referencias de las variables en el Cuadro 34:

Color secundario en la pulpa (1): Color secundario color crema oscuro.

Color secundario en la pulpa (2): Color secundario color anaranjado.

Defecto en la raíz (1): Venas en la raíz.

Defecto en la raíz (2): Constricciones horizontales.

Defecto en la raíz (3): Hendiduras longitudinales.

3.7. Magnitud de las variancias genéticas

Para analizar la magnitud de las variancias genéticas dentro de poblaciones y el aporte que las variables analizadas hicieron a esta diferenciación, se realizó un análisis de variancia sobre el CV_g tomando a las variables como repeticiones y a su interacción por población como error. Esta técnica, fue utilizada por Helgadóttir (1986), para comparar la cantidad de variancia genética entre poblaciones. El resultado de este análisis y las medias para cada población y variable se observa en los cuadros 35 a 37.

Cuadro 35. Análisis de variancia realizado sobre el CV_g dentro de las 10 poblaciones.

Fuentes de variación	Grados de libertad	Fuentes de variación
Poblaciones	9	3.47 **
Variables	14	12.30 **
Media= 4.23	CV= 78.1	R ² = 0.63

(**) Significativo con probabilidad de error < 0.01 .

Se encontraron diferencias altamente significativas para el CV_g entre poblaciones y entre variables.

En el Cuadro 38, se analiza cómo se distribuyen las diferencias de origen genético estadísticamente significativas, ya sea entre o dentro de poblaciones, para caracteres cualitativos o cuantitativos, en el análisis general o para cada grupo de cultivares. En el Cuadro 39 se observa la frecuencia de estas diferencias y los CV_g para cada grupo, para variables de guía o raíz; en el Cuadro 40, se analiza qué porcentaje de la variancia total es de origen genético y cómo se distribuye esta última, entre y dentro de poblaciones para cada grupo.

Cuadro 36. Porcentaje de variables que evidenciaron diferencias significativas dentro de poblaciones para cada población y test de Duncan para el CV_g dentro de poblaciones.

Cultivar Población	Caracteres cuantitativos	Caracteres cualitativos	Total	Test de Duncan para CV _g
<u>Bolívar</u>				
4 Degliantoni	57.1	0	28.6	4.86 ab
5 Moviglia	64.3	7.1	35.7	4.89 ab
6 Torino	35.7	28.6	32.1	4.49 b
9 INTA	14.3	0	7.1	1.11 c
Media	42.9	8.9	25.9	3.84
<u>Morada</u>				
1 Mirada	33.3	0	17.2	3.66 bc
2 Parra	66.7	7.1	37.9	7.35 a
3 Gallina	20.0	0	10.3	3.28 bc
7 Torino	13.3	7.1	10.3	3.08 bc
8 INTA	42.9	0	20.7	4.61 b
Media	35.2	2.8	19.0	4.40
<u>Rojo y blanco</u>				
10	35.7	0	17.9	4.86 ab

Medias con letras iguales no difieren significativamente para el test de Duncan ($P < 0.05$).

Cuadro 37. Test de Duncan para el Coeficiente de variación genético (*), para cada variable en el análisis general y para los cultivares Morada y Bolívar.

VAR	GENERAL	BOLIVAR	MORADA
1	1.18 de	1.19 c	1.23 e
2	2.77 cde	2.00 bc	2.05 ed
3	1.53 de	1.85 bc	1.58 e
4	10.41 b	9.26 a	9.56 b
5	2.26 de	2.08 bc	2.41 cde
6	1.25 de	1.37 c	1.21 e
7	10.50 b	9.13 a	11.01 ab
8	6.15 c	5.21 abc	7.07 cb
9	2.81 cde	3.37 bc	2.86 cde
10	4.30 cd	6.86 ab	2.51 cde
11	4.69 cd	2.05 bc	6.71 cd
12	3.40 cde	4.54 abc	2.36 cde
13	2.69 cde	4.78 abc	0.79 e
14	0.09 e	0.03 c	0.13 e
15	14.48 a	0.00 d	14.48 a

Medias con letras iguales no difieren significativamente para el test de Duncan (P<0.05).

(*) Parámetro calculado a partir del componente de variancia entre tratamientos.

Referencias

- | | |
|--|--|
| 1 Rendimiento en raíces por planta (peso fresco) | 9 Longitud de la lámina de la hoja |
| 2 Rendimiento en raíces por planta (peso seco) | 10 Longitud del pecíolo |
| 3 Porcentaje de materia seca en raíz | 11 Longitud de entrenudos |
| 4 Número de raíces comerciales por planta | 12 Diámetro de entrenudos |
| 5 Peso individual de raíces comerciales | 13 Número de lóbulos por hoja |
| 6 Peso fresco biomasa aérea por planta | 14 Area bajo la curva de progreso de la enfermedad |
| 7 Coeficiente de partición | 15 Porcentaje de pulpa de raíz color púrpura |
| 8 Longitud media de guías | |

Cuadro 38. Porcentaje (*) de variables que evidenciaron diferencias significativas entre y dentro de poblaciones para los cultivares Morada y Bolívar.

	GENERAL	MORADA	BOLIVAR
Caracteres cuantitativos			
Entre poblaciones	100.0	93.3	78.6
Dentro de poblaciones	92.9	73.3	71.4
Caracteres cualitativos	92.9	0	14.3
Total entre poblaciones	96.6	48.3	46.5

(*) Porcentaje ponderado según el número de variables cuantitativas analizadas :14 en Bolívar y 15 en Morada.

Cuadro 39. Coeficiente de variación genético y porcentaje de casos con diferencias significativas, para caracteres de guía y de raíz dentro de cada cultivar.

CULTIVAR	GUIA		RAIZ		MEDIA CULTIVAR	
	Fr	CV _g	Fr	CV _g	Fr	CV _g
MORADA	28.57	3.36	36.67	5.22	32.62	4.29
BOLIVAR	53.57	4.02	25.00	2.73	39.29	3.38
GENERAL	39.68	3.65	31.48	4.11	35.58	3.88

Cuadro 40. Porcentaje de variancia genética con respecto a la variancia total ($\sigma_g^2 / \sigma^2_{total}$) para el análisis completo y los cvs. Morada y Bolívar y proporción de esta variancia genética debida a diferencias entre poblaciones para cada caso ($\sigma_g^2 \text{ pob} / \sigma_g^2$).

Carácter	COMPLETO		MORADA		BOLIVAR	
	$\sigma_g^2 / \sigma^2_{total}$	$\sigma_g^2 \text{ pob} / \sigma_g^2$	$\sigma_g^2 / \sigma^2_{total}$	$\sigma_g^2 \text{ pob} / \sigma_g^2$	$\sigma_g^2 / \sigma^2_{total}$	$\sigma_g^2 \text{ pob} / \sigma_g^2$
1	57.72	49.63	50.82	18.15	44.26	17.07
2	64.83	54.28	49.71	29.28	37.16	10.50
3	60.92	73.69	39.98	38.14	36.26	28.97
4	58.25	50.75	44.76	7.81	47.48	21.37
5	42.43	9.35	43.00	8.10	42.18	3.59
6	49.89	17.65	52.20	10.69	48.51	16.35
7	53.40	36.04	49.57	28.39	43.07	2.23
8	76.96	78.94	45.25	19.12	49.03	25.54
9	50.35	43.55	35.62	2.60	43.50	21.52
10	62.66	60.85	43.54	24.45	42.97	7.12
11	86.48	88.38	43.22	17.97	36.82	13.23
12	80.56	84.65	32.22	9.28	57.08	44.25
13	75.48	75.23	6.09	73.50	47.59	14.56
14	44.43	26.50	6.92	76.65	42.70	40.60
15			86.20	41.06		

Referencias

- | | |
|--|--|
| 1 Rendimiento en raíces por planta (peso fresco) | 9 Longitud de la lámina de la hoja |
| 2 Rendimiento en raíces por planta (peso seco) | 10 Longitud del pecíolo |
| 3 Porcentaje de materia seca en raíz | 11 Longitud de entrenudos |
| 4 Número de raíces comerciales por planta | 12 Diámetro de entrenudos |
| 5 Peso individual de raíces comerciales | 13 Número de lóbulos por hoja |
| 6 Peso fresco biomasa aérea por planta | 14 Area bajo la curva de progreso de la enfermedad |
| 7 Coeficiente de partición | 15 Porcentaje de pulpa de raíz color púrpura |
| 8 Longitud media de guías | |

Según los resultados de los análisis de variancia y los cuadros 35 a 40, podemos concluir que:

1. Se registraron diferencias significativas entre y dentro de poblaciones para un alto porcentaje de los caracteres cuantitativos analizados, éste superó, en todos los casos, el 70 %. Para los caracteres cualitativos, sólo el cv. Bolívar registró diferencias entre poblaciones en el 14 % de los casos analizados, siendo la variabilidad intrapoblacional muy baja para este tipo de caracteres (Cuadro 38).

2. **El cv. Bolívar está representado por 3 poblaciones de mediana variabilidad (B. Degliantoni, B. Moviglia y B. Torino) y una (B. INTA) muy homogénea, donde se registró el menor valor medio de CV_g y un porcentaje muy bajo de variables con diferencias significativas. En cuanto a la variabilidad intrapoblacional evidenciada por el cv. Morada, se pueden distinguir tres poblaciones donde ésta es menor, (menores porcentajes de caracteres que muestran variabilidad genética significativa y CV_g más bajos), éstas son: M. Mirada, M. Gallina y M. Torino, una población de mediana variabilidad (M. INTA) y otra de muy alta (M. Parra). El cv. Rojo y Blanco, mientras tanto, presenta valores similares a los del cv. Morada en cuanto al número de caracteres con diferencias significativas entre genotipos y sus CV_g (Ver Cuadro 36).**

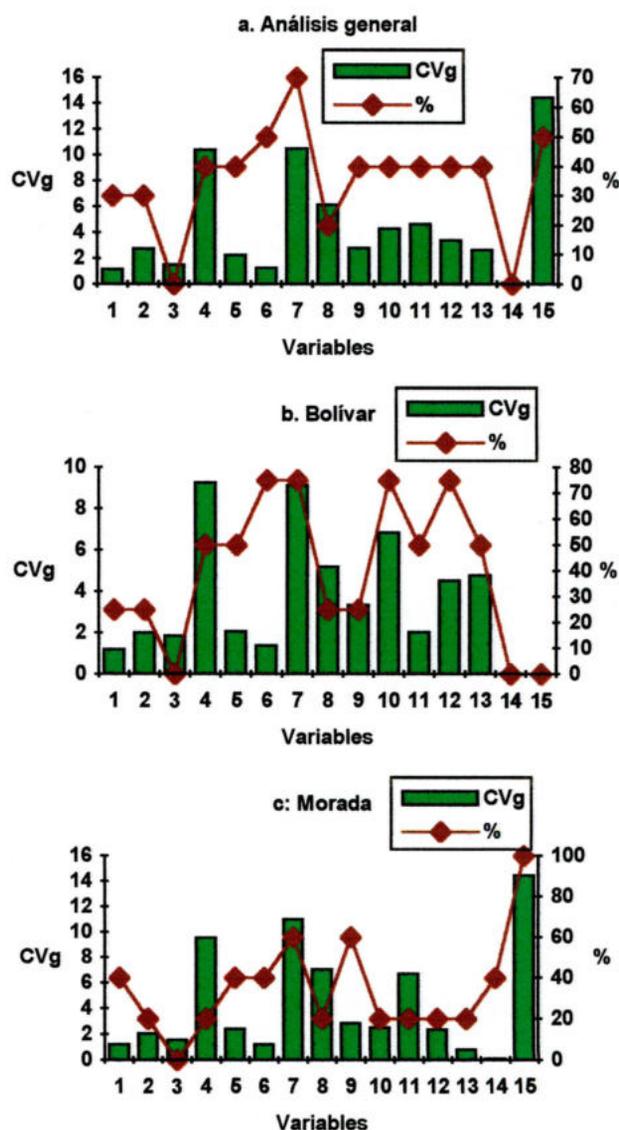
3. **En el cv. Morada las poblaciones presentaron menores % de caracteres con variabilidad genética significativa (35.2 % y 2.8 % para variables cuantitativas y cualitativas respectivamente), con un CV_g promedio de 4.40; en el cv. Bolívar estos valores fueron de 42.9 %, 8.9 % y 3.84 respectivamente; si se observan los valores de cada población podemos observar que el cv. Morada está conformado por poblaciones con menores CV_g que Bolívar, sin embargo, las medias reflejan otra situación por la presencia de una población con alto CV_g (M. Parra) en el cv. Morada y otra de muy bajo, (B. INTA) en el cv. Bolívar (Cuadro 36).**

4. **Las variables que registraron mayores valores de CV_g fueron porcentaje de color púrpura en la pulpa (14.48), coeficiente de partición (10.50) y número de raíces por planta (10.41), las cuales evidenciaron diferencias estadísticamente significativas en el 100, 70 y 40 % de los casos analizados respectivamente (Ver Cuadro 37).**

5. **La mayoría de las variables registraron variabilidad genética dentro de poblaciones en el 40 % de los casos analizados, con extremos de 100 para porcentaje de pulpa color púrpura y 0 para porcentaje de materia seca (Cuadros 24 a 33).**

6. Las variables, coeficiente de partición, longitud del pecíolo, diámetro de entrenudos y peso fresco biomasa aérea, resultaron significativas en el 75 % de los casos en el cv Bolívar; mientras que dentro de las poblaciones del cv Morada, las variables que mostraron diferencias significativas en mayor proporción fueron: porcentaje de pulpa color púrpura (100 %), coeficiente de partición y longitud de la lámina de la hoja (ambos casos con el 60%) (Cuadros 24 a 33, Gráfico 3.7.1.). Sin embargo, no siempre las variables que mostraron la mayor frecuencia de diferencias significativas dentro de poblaciones fueron las que mostraron los mayores coeficientes de variación genéticos, tal es el caso del carácter número de raíces por planta que mostró diferencias significativas en el 50 % y 20 % de las poblaciones del cv Bolívar y Morada respectivamente, pero con un alto CV_g medio.

Gráfico 3.7.1. Coeficiente de variación genética total y porcentaje de poblaciones en que cada variable mostró diferencias significativas dentro de poblaciones, para el análisis general (a) y para los cultivares Bolívar (b) y Morada (c).



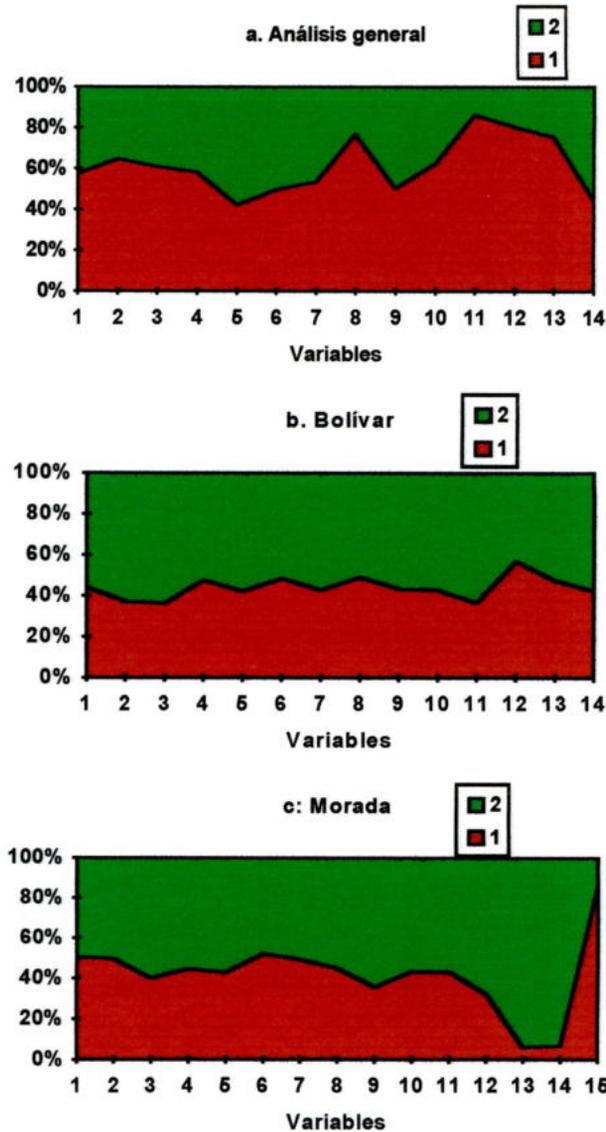
Referencias

- | | |
|--|--|
| 1 Rendimiento en raíces por planta (peso fresco) | 9 Longitud de la lámina de la hoja |
| 2 Rendimiento en raíces por planta (peso seco) | 10 Longitud del peciolo |
| 3 Porcentaje de materia seca en raíz | 11 Longitud de entrenudos |
| 4 Número de raíces comerciales por planta | 12 Diámetro de entrenudos |
| 5 Peso individual de raíces comerciales | 13 Número de lóbulos por hoja |
| 6 Peso fresco biomasa aérea por planta | 14 Area bajo la curva de progreso de la enfermedad |
| 7 Coeficiente de partición | 15 Porcentaje de pulpa de raíz color púrpura |
| 8 Longitud media de guías | |

7. En el cv. Morada, se encontró un mayor porcentaje de caracteres con diferencias significativas entre poblaciones que en Bolívar, siendo éste del 85 % en guía y 100 % en raíz. En Bolívar, mientras tanto el 100 % de los caracteres de guía, fueron estadísticamente significativos y sólo el 50 % en los de raíz. Además, cada cultivar exhibe un patrón de variación intrapoblacional específico, Bolívar presenta mayor frecuencia de variables con diferencias significativas y mayores CV_g en caracteres de guía y Morada en caracteres de raíz, en Rojo y Blanco las diferencias se dan por igual en los dos tipos de caracteres (Ver Cuadros 37 a 39).

8. La variancia genética representa un mayor porcentaje de la variancia total en el análisis completo, principalmente debido a las diferencias entre el grupo de poblaciones pertenecientes a los cvs. Bolívar y Morada; dentro de cada uno de ellos el mayor porcentaje de variancia genética se encuentra entre genotipos dentro de poblaciones, a excepción de las variables número de lóbulos por hoja y área bajo la curva de la enfermedad en el cv. Morada, en las que la variancia entre poblaciones representa más del 70 % de la variancia genética total (Ver Cuadro 40 y Gráficos 3.7.2. y 3.7.3.).

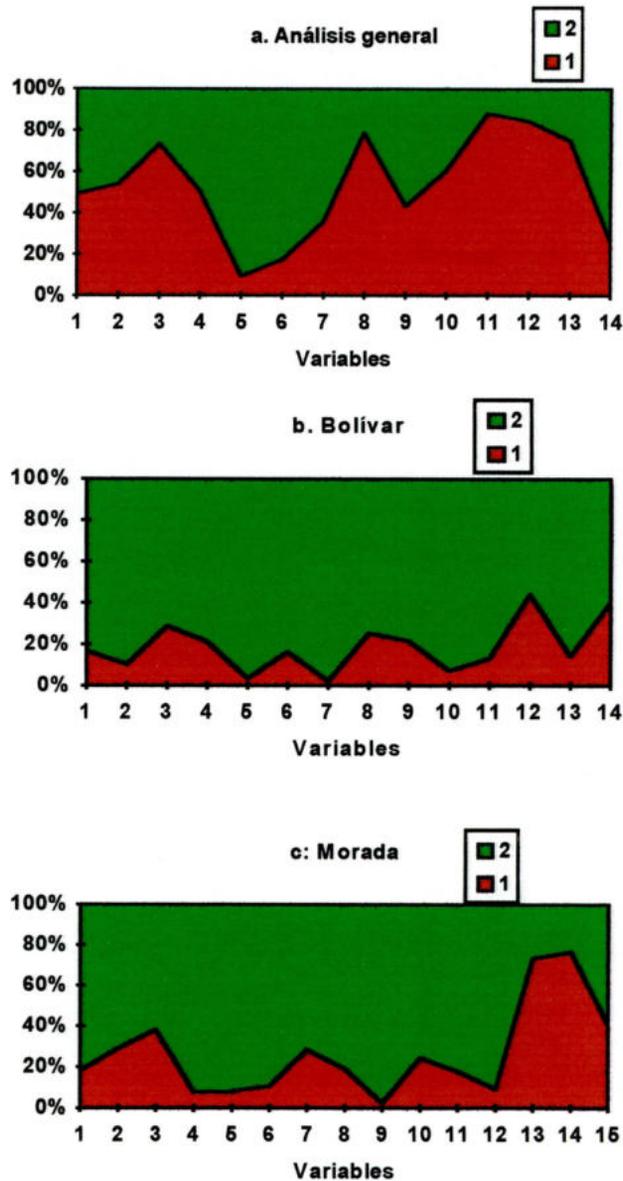
Gráfico 3.7.2. Porcentaje de variancia genética (1) con respecto a la variancia total (2) ($\sigma^2_g / \sigma^2_{total}$) para el análisis completo (a) y los cvs. Bolívar (b) y Morada (c), para las variables analizadas.



Referencias

- | | |
|--|--|
| 1 Rendimiento en raíces por planta (peso fresco) | 9 Longitud de la lámina de la hoja |
| 2 Rendimiento en raíces por planta (peso seco) | 10 Longitud del pecíolo |
| 3 Porcentaje de materia seca en raíz | 11 Longitud de entrenudos |
| 4 Número de raíces comerciales por planta | 12 Diámetro de entrenudos |
| 5 Peso individual de raíces comerciales | 13 Número de lóbulos por hoja |
| 6 Peso fresco biomasa aérea por planta | 14 Area bajo la curva de progreso de la enfermedad |
| 7 Coeficiente de partición | 15 Porcentaje de pulpa de raíz color púrpura |
| 8 Longitud media de guías | |

Gráfico 3.7.3. Proporción de la variancia genética total (2) debida a diferencias entre poblaciones (1), ($\sigma^2_{g\text{ pob}}/\sigma^2_{g\text{ total}}$), para el análisis completo (a) y los cvs. Bolívar (b) y Morada (c), para las variables analizadas.



Referencias

- | | |
|--|--|
| 1 Rendimiento en raíces por planta (peso fresco) | 9 Longitud de la lámina de la hoja |
| 2 Rendimiento en raíces por planta (peso seco) | 10 Longitud del peciolo |
| 3 Porcentaje de materia seca en raíz | 11 Longitud de entrenudos |
| 4 Número de raíces comerciales por planta | 12 Diámetro de entrenudos |
| 5 Peso individual de raíces comerciales | 13 Número de lóbulos por hoja |
| 6 Peso fresco biomasa aérea por planta | 14 Area bajo la curva de progreso de la enfermedad |
| 7 Coeficiente de partición | 15 Porcentaje de pulpa de raíz color púrpura |
| 8 Longitud media de guías | |

3.8. Correlación estadística entre caracteres

Previo al análisis de estos resultados, cabe aclarar que por ser simplemente correlaciones estadísticas, éstos actúan como orientadores de lo que puede suceder con las correlaciones genéticas, éstas últimas son las que realmente deberán tenerse en cuenta en el caso de iniciar un programa de mejoramiento basado en una población de polinización abierta. Las correlaciones estadísticas podrían ser útiles si se pretende hacer una selección de clones, a partir de las poblaciones del cultivar Morada, tarea que en parte está siendo realizada por algunos productores de San Pedro.

La correlación positiva (0.33) entre peso fresco de la biomasa aérea y el rendimiento en raíces en el cv. Morada (Cuadro 43), se asemeja al resultado obtenido por Biderbost et al (1991), sin embargo coincidiendo con la opinión de estos autores, seleccionar para este carácter, sería contraproducente por su correlación positiva con la longitud de guías (0.15) y negativa con el coeficiente de partición (-0.28), este último resultado es aún más pronunciado en el cv. Bolívar (-0.40) (Cuadro 42 y Gráficos 3.9.1.a y 3.9.2.d). ***Por su altísima correlación positiva con el rendimiento en raíces, 0.75 y 0.65, en Morada y Bolívar respectivamente, el coeficiente de partición sería una variable muy confiable para seleccionar, ya que permitiría obtener genotipos con alto potencial productivo y una adecuada estructura de planta (Cuadros 43 y Gráficos 3.9.1.e y 3.9.2.f) .***

El porcentaje de pulpa color púrpura, mostró correlación negativa, con valores de -0.19 y -0.33, con el porcentaje y rendimiento en materia seca, respectivamente, estos valores coinciden con los obtenidos por Jones (1976, 1977), Perdomo (1982) y Hernández (1983), estos dos últimos citados por Vargas y Luciani (1989) (Cuadro 41 y Gráficos 3.9.1. b y d), quienes encontraron que los materiales de pulpa color crema presentan mayores potenciales productivos. Esta desventaja de las batatas de pulpa color púrpura, se suma al desagradable aspecto que presentan al cocinarse y a las manchas que producen en el dulce al ser industrializadas. Por otra parte, en las raíces con manchas de este tipo, tienden a prevalecer los colores crema por sobre los anaranjados en el resto de la pulpa, por lo que se sumaría a sus defectos, el de poseer un menor contenido en caroteno que las de pulpa lisa. Al respecto cabe citar la aparición en este ensayo, de algunos clones con una marcada distribución de manchas color púrpura y naranja en la pulpa, muy distinta a la de los demás, pero repetida en todas las raíces del mismo genotipo.

Para ambos materiales, la longitud media de guías está correlacionada positivamente con el número y peso medio de raíces con valores de alrededor de 0.40 (Cuadro 44), sin embargo, no sería conveniente tener en cuenta este carácter para seleccionar, ya que promovería la aparición de plantas con un excesivo follaje, que las hace inadecuadas para el manejo mecanizado. En Bolívar a mayores longitudes de guía, mayores longitudes de hoja, entrenudos y pecíolos y menores pigmentaciones en estos últimos y en el envés de las hojas (Cuadro 44). En el cv. Morada, el tipo o forma de lóbulo central mostró, como ya se observó, correlación negativa con el porcentaje de pulpa color púrpura y con longitud de la hoja, longitud de entrenudos, diámetro de entrenudos y positiva con color secundario crema oscuro en la pulpa (Cuadros 41, 45, 47, 48 y 55 respectivamente). Las relaciones entre coloración en pulpa, tipo de lóbulo central en hoja y diámetro de entrenudos, se comprueban al analizar las medias poblacionales (Gráficos 3.9.1 c y d) pero no las medias de los genotipos dentro de las poblaciones, por lo que sería un indicio de las diferencias entre poblaciones que existen en este tipo de materiales.

El peso fresco de la biomasa aérea se vio relacionado a mayor número de caracteres en el cv. Morada, donde se observa una correlación negativa con el color anaranjado en la pulpa (Ver Cuadro 42); mientras que para el resto de los caracteres tanto de guía como de raíz (Cuadros 43 a 59) se obtuvieron mayores casos de correlación estadísticamente significativas en el cv. Bolívar. Esto podría deberse, en el caso de los caracteres de guía, a una mayor variabilidad en este cv., ya que presenta en casi todas las variables mayores GDG, (excepto longitud de entrenudos) y diferencias significativas en pigmentación del envés.

Cuadro 41. Coeficientes de correlación de Spearman para la variable porcentaje de pulpa color púrpura, en el cv Morada.

MST	PMS	TLOB	C21PU	D21PU	C22PU	D22PU
-0.33 **	-0.19 **	-0.16 **	0.23 **	0.23 **	-0.15 **	-0.16 **

Cuadro 42. Coeficientes de correlación de Spearman para la variable peso fresco biomasa aérea, en los cvs. Morada y Bolívar.

Variable	LONGE	PART	LONG	C22PU	D22PU	DIAME	D1
Morada	.19 **	-.28 **	.15 **	-.17 **	-.16 **	.21 **	-
Bolívar	-	-.40 **	-	-	-	-	.21 **

Cuadro 43. Coeficientes de correlación de Spearman para la variable rendimiento en raíces, en los cvs. Morada y Bolívar.

Variable	GRAMA	PIGE	PART
Morada	.33 **	-	.75 **
Bolívar	-	-.16 **	.65 **

(**) Significativo con probabilidad de error < 0.01, (*) Significativo con probabilidad de error < 0.05.

Referencias

C21PU: Existencia de color crema oscuro en la pulpa de la raíz

C22PU: Existencia de color anaranjado en la pulpa de la raíz

D1: Venas en la raíz

D21PU: Distribución del color crema oscuro en la pulpa de la raíz

D22PU: Distribución de color anaranjado en la pulpa de la raíz

DIAME: Diámetro de entrenudos

GRAMA: Peso fresco de la biomasa aérea

LONG: Longitud media de guías

LONGE: Longitud de entrenudos

PART: Coeficiente de partición

PIGE: Pigmentación del envés

PMS: Porcentaje de materia seca en raíz

PULP: Porcentaje de pulpa color púrpura en la raíz

TLOB: Tipo de lóbulo central

Resultados y discusión. Correlación estadística.

Cuadro 44. Coeficientes de correlación de Spearman para la variable longitud media de guías, en los cvs. Morada y Bolívar.

Variable	PMR	NTP	LONGE	LONGH	LONGP	PIGE	PIGP	C2PI	FORMA
Morada	.33 **	.39 **	-	-	-	-	-	.33 **	-
Bolívar	.39 **	.43 **	.32 **	.24 **	.23 **	-.25 **	-.25 **	-	.15 **

Cuadro 45. Coeficientes de correlación de Spearman para la variable longitud de la hoja, en los cvs. Morada y Bolívar.

Variable	D21PU	PMR	NTP	FLOB	D1	LONGP	PIGE	D2	C2PI	FORMA
Morada	-.30 **	-	-	-.21 **	-	-	.27 **	.19 **	-	-
Bolívar	-	.26 **	.19 **	-	.30 **	.68 **	-.25 **	.18 **	-.18 **	.16 **

Cuadro 46. Coeficientes de correlación de Spearman para la variable longitud del peciolo, en los cvs. Morada y Bolívar.

Variable	PMR	D1	LONGM	LONGH	LONGE	DIAME
Morada	-	-	-	-	-	-
Bolívar	.25 **	.25 **	.23 **	.68 **	.26 **	.40 **

Cuadro 47. Coeficientes de correlación de Spearman para la variable longitud de entrenudos, en los cvs. Morada y Bolívar.

Variable	FLOB	D2	LONGP	LONGH	C21PU	C2PI	D21PU
Morada	-.15 **	-	-	-	-	-	-.26 **
Bolívar	-	.20 **	.26 **	.28 **	-.21 **	.23 **	-.24 **

(**) Significativo con probabilidad de error < 0.01, (*) Significativo con probabilidad de error < 0.05.

Referencias

- FLOB:** Forma del lóbulo central
- C2PI:** Existencia de color secundario en la piel de la raíz
- DIAME:** Diámetro de entrenudos
- C21PU:** Existencia de color crema oscuro en la pulpa de la raíz
- D2:** Constricciones horizontales en la raíz
- D1:** Venas en la raíz
- D21PU:** Distribución del color crema oscuro en la pulpa de la raíz
- FORMA:** Forma de la raíz
- LONGE:** Longitud de entrenudos
- LONGP:** Longitud del peciolo
- NTP:** Número de tubérculos por planta
- PIGE:** Pigmentación del envés
- PIGP:** Pigmentación del peciolo
- PMR:** Peso medio de la raíz

Cuadro 48. Coeficientes de correlación de Spearman para la variable diámetro de entrenudos, en los cvs. Morada y Bolívar.

Variable	AREA	D21PU	PART	LONGH	FLOB	D1	LONGP	PIGE	D2	C2PI	FORMA
Morada	-	.41 **	-.18 **	-	-.28 **	-	-	-	-	-	-
Bolívar	.18 **	-	-	0.59 **	-	.45 **	.40 **	-.22 **	.17 **	-.17 **	.21 **

Cuadro 49. Coeficientes de correlación de Spearman para la variable número de lóbulos por hoja, en los cvs. Morada y Bolívar.

Variable	TLOB	FLOB	PERF
Morada	-	-	-
Bolívar	.50 **	.46 **	.45 **

Cuadro 50. Coeficientes de correlación de Spearman para la variable pigmentación del envés, en los cvs. Morada y Bolívar.

Variable	REND	LONGM	NTP	LONGH	D1	DIAME	TLOB	PERF	AREA	PIGP
Morada	-	-	-	.27 **	-	-	-	-	-	.20 **
Bolívar	-.16 **	-.25 **	-.32 **	-.25 **	-.33 **	-.22 **	-.30 **	-.32 **	-.17 **	.69 **

(**) Significativo con probabilidad de error < 0.01, (*) Significativo con probabilidad de error (0.05 .

Referencias

- AREA:** Area bajo la curva de progreso de la enfermedad
- C2PI:** Existencia de color secundario en la piel de la raíz
- C21PU:** Existencia de color crema oscuro en la pulpa de la raíz
- DIAME:** Diámetro de entrenudos
- D2:** Constricciones horizontales en la raíz
- D1:** Venas en la raíz
- D21PU:** Distribución del color crema oscuro en la pulpa de la raíz
- FLOB:** Forma del lóbulo central
- FORMA:** Forma de la raíz
- LONGH:** Longitud de la lámina
- LONGM:** Longitud media de guías
- LONGP:** Longitud del peciolo
- NTP:** Número de tubérculos por planta
- PART:** Coeficiente de partición
- PERF:** Perfil general de la hoja
- PIGE:** Pigmentación del envés
- PIGP:** Pigmentación del peciolo
- REND:** Rendimiento en raíces (peso fresco)
- TLOB:** Tipo de lóbulo central

Cuadro 51. Coeficientes de correlación de Spearman para la variable pigmentación del peciolo, en los cvs. Morada y Bolívar.

Variable	NTP	TLOB	LONG	PIGE
Morada	-	-	-	.20 **
Bolívar	-.34 **	-.16 **	-.25 **	.69 **

Cuadro 52. Coeficientes de correlación de Spearman para la variable área bajo la curva de progreso de la enfermedad, en los cvs. Morada y Bolívar.

Variable	DIAME	PIGE	C2PI	D21PU	FORMA
Morada	-	-	-	-	-
Bolívar	.18 **	-.17 **	.15 **	-.21 **	-.19 **

Cuadro 53. Coeficientes de correlación de Spearman para la variable peso medio de la raíz, en los cvs. Morada y Bolívar.

Variable	TLOB	C21PU	D21PU	LONGH	LONGP	D1	D3	C2PI	FORMA
Morada	-	-	-	-	-	-	-	.31 **	.18 *
Bolívar	-.15 **	.16 **	.19 **	.26 **	.25 **	.16 **	.28 **	-	-

(**) Significativo con probabilidad de error < 0.01 %, (*) Significativo con probabilidad de error < 0.05 %.

Referencias

- C2PI:** Existencia de color secundario en la piel de la raíz
- C21PU:** Existencia de color crema oscuro en la pulpa de la raíz
- DIAME:** Diámetro de entrenudos
- D1:** Venas en la raíz
- D3:** Constricciones verticales en la raíz
- D21PU:** Distribución del color crema oscuro en la pulpa de la raíz
- FORMA:** Forma de la raíz
- LONG:** Longitud media de guías
- LONGH:** Longitud de la lámina
- LONGP:** Longitud del peciolo
- NTP:** Número de tubérculos por planta
- PIGE:** Pigmentación del envés
- TLOB:** Tipo de lóbulo central

Cuadro 54. Coeficientes de correlación de Spearman para la variable existencia color secundario de la piel, en los cvs. Morada y Bolívar.

Variable	LONGE	PMR	LONGE	D2	C21PU	D21PU	DIAME
Morada	-	.31 **	-	-	-	-	-
Bolívar	.23 **	-	.23 **	.21 **	-.35 **	-.34 **	-.17 **

Cuadro 55. Coeficientes de correlación de Spearman para la variable color secundario crema oscuro de la pulpa, en los cvs. Morada y Bolívar.

Variable	LONGE	FLOB	PULP	D1	D2	FORMA
Morada	-	.18 **	.23 **	-	-	-
Bolívar	-.21 **	-	-	.21 **	-.32 **	-.16 **

Cuadro 56. Coeficientes de correlación de Spearman para la variable distribución del color secundario crema oscuro de la pulpa, en los cvs. Morada y Bolívar.

Variable	PULP	PMR	LONGH	LONGE	DIAME	AREA	C22PU	D22PU	C2PI	D2
Morada	.23 **	-	-.30 **	-.26 **	-.41 **	-	-.22 **	-.23 **	-	-.32 **
Bolívar	-	.19 **	-	-.24 **	-	-.18 **	-	-	-.34 **	-

(**) Significativo con probabilidad de error (0.01 %, (*) Significativo con probabilidad de error (0.05 %.

Referencias

- AREA:** Area bajo la curva de progreso de la enfermedad
- C2PI:** Existencia de color secundario en la piel de la raíz
- C21PU:** Existencia de color crema oscuro en la pulpa de la raíz
- C22PU:** Existencia de color anaranjado en la pulpa de la raíz
- DIAME:** Diámetro de entrenudos
- D1:** Venas en la raíz
- D2:** Constricciones horizontales en la raíz
- D21PU:** Distribución del color crema oscuro en la pulpa de la raíz
- D22PU:** Distribución del color anaranjado en la pulpa de la raíz
- FLOB:** Forma del lóbulo central
- FORMA:** Forma de la raíz
- LONG:** Longitud media de guías
- LONGE:** Longitud de entrenudos
- LONGH:** Longitud de la lámina
- PMR:** Peso medio de la raíz
- PULP:** Porcentaje de color púrpura en la pulpa de la raíz

Cuadro 57. Coeficientes de correlación de Spearman para la variable venas en la raíz, en los cvs. Morada y Bolívar.

Variable	PMR	NTP	GRAMA	LONGH	LONGP	DIAME	PIGE	PIGP	C21PU
Morada	-	-.40 **	-	-	-	-	-	-	-
Bolívar	.16 **	-	.21 **	.30 **	.25 **	.45 **	-.33 **	-.22 **	.21 **

Cuadro 58. Coeficientes de correlación de Spearman para la variable constricciones horizontales en la raíz, en los cvs. Morada y Bolívar.

Variable	LONGH	LONGE	DIAME	PIGP	C2PI	C21PU	C22PU	D22PU	D3	FORMA
Morada	.19 **	-	-	-	-	-	.18 **	.20 **	.16 **	.23 **
Bolívar	.18 **	.20 **	.17 **	.16 **	.21 **	-.32 **	-	-	.15 **	.39 **

(**) Significativo con probabilidad de error < 0.01, (*) Significativo con probabilidad de error < 0.05.

Referencias

- C2PI: Existencia de color secundario en la piel de la raíz
- C21PU: Existencia de color crema oscuro en la pulpa de la raíz
- C22PU: Existencia de color anaranjado en la pulpa de la raíz
- DIAME: Diámetro de entrenudos
- D22PU: Distribución del color anaranjado en la pulpa de la raíz
- D3: Constricciones verticales en la raíz
- FORMA: Forma de la raíz
- GRAMA: Peso fresco de la biomasa aérea
- LONGE: Longitud de entrenudos
- LONGH: Longitud de la lámina
- LONGP: Longitud del peciolo
- NTP: Número de tubérculos por planta
- PIGE: Pigmentación del envés
- PIGP: Pigmentación del peciolo
- PMR: Peso medio de la raíz

Por último podemos citar que en el cv. Morada se registró una correlación estadísticamente significativa de 0.16, entre las variables forma de la raíz y hendiduras longitudinales.

3.9. Análisis de las medias poblacionales.

3.9.1. Variables cualitativas

Cuadro 60. Medias para las poblaciones del cultivar MORADA para variables cualitativas de guía y raíz (1=Mirada, 2=Parra, 3=Gallina, 7=Torino y 8=INTA).

Población Carácter	1	2	3	7	8
Tipo de lóbulo	4.17	4.03	4.02	4.15	4.11
Forma del lóbulo	3.14	3.03	3.03	3.14	3.09
Pigmentación del envés	4.21	4.63	4.34	4.59	4.53
Pigmentación del pecíolo	4.02	4.11	4.06	4.15	3.91
Perfil general de la hoja	4.00	4.00	4.00	4.00	4.00
Color secundario en la piel	1.71	1.84	1.79	1.89	1.89
Color secundario en la pulpa (1)	1.28	1.45	1.44	1.25	1.51
Distribución del color secundario (1)	1.87	2.12	2.40	1.50	1.90
Color secundario en la pulpa (2)	1.93	1.86	1.73	1.89	1.87
Distribución del color secundario (2)	4.67	3.77	3.55	3.95	4.48
Defecto en la raíz (1)	1.33	1.23	1.23	1.27	1.22
Defecto en la raíz (2)	1.78	1.53	1.64	1.74	1.64
Defecto en la raíz (3)	1.29	1.24	1.27	1.21	1.28
Forma de la raíz	3.19	3.39	3.10	3.06	3.00

Cuadro 61. Medias para las poblaciones de los cvs. BOLIVAR y ROJO Y BLANCO para variables cualitativas de guía y raíz (4=Degliantoni, 5= Moviglia, 6=Torino, 9=INTA).

Población Carácter	4	5	6	9	ROJO Y BLANCO
Tipo de lóbulo	2.47	2.61	2.64	2.77	3.05
Forma del lóbulo	2.27	2.48	2.42	2.51	2.96
Pigmentación del envés	6.02	5.47	4.96	1.41	5.47
Pigmentación del pecíolo	1.52	1.74	1.58	1.01	1.58
Perfil general de la hoja	3.42	3.51	3.55	3.70	3.99
Color secundario en la piel	2.81	3.26	3.88	4.87	9.29
Color secundario en la pulpa (1)	1.85	1.66	2.14	2.21	2.87
Distribución del color secundario (1)	3.26	3.43	3.85	3.81	1.02
Color secundario en la pulpa (2)	2.94	2.70	2.82	1.14	5.09
Distribución del color secundario (2)	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00
Defecto en la raíz (1)	1.66	1.84	1.93	1.99	1.91
Defecto en la raíz (2)	1.72	2.09	1.75	1.76	2.09
Defecto en la raíz (3)	1.62	1.73	1.69	1.67	1.55
Forma de la raíz	2.75	3.32	2.51	2.83	3.20

Referencias de las variables:

Color secundario en la pulpa (1): Color secundario color crema oscuro.

Color secundario en la pulpa (2): Color secundario color anaranjado.

Defecto en la raíz (1): Venas en la raíz.

Defecto en la raíz (2): Constricciones horizontales.

Defecto en la raíz (3): Hendiduras longitudinales.

Cuadro 66. Test de Duncan de diferencias entre medias de poblaciones y medias retransformadas para la variable porcentaje de la pulpa color púrpura en el cv. MORADA.

Población	Porcentaje de la pulpa color púrpura (%)	
3 M. Gallina	153.90 a	56.1
2 M. Parra	144.44 b	41.3
8 M. INTA	110.93 c	2.9
7 M. Torino	110.50 c	2.7
1 M. Mirada	102.39 d	0.1

Medias con letras iguales no difieren significativamente para el test de Duncan (P (0.05).

Las poblaciones *Morada Torino* y *Morada INTA*, presentaron los mayores valores de rendimiento en raíces (Cuadro 62). Los mayores coeficientes de partición y los menores pesos de biomasa aérea fueron para *Morada Mirada* y *Morada INTA* (Cuadros 63 y 64, Gráficos 3.9.1 a, b y e); estos resultados concuerdan con la alta correlación estadística positiva (0.75, Cuadro 43), encontrada entre las dos primeras variables. En cuanto al porcentaje y rendimiento en materia seca, las tres poblaciones que presentan raíces sin mancha color púrpura (*Mirada*, *INTA* y *Torino*) presentaron altos valores (Cuadro 62 y Gráfico 3.9.1. b); coincidiendo con las correlaciones estadísticas negativas halladas entre esta última variable y las dos primeras (Cuadro 41); se caracterizaron también, por poseer, mayores rendimientos en raíces (peso seco y fresco), menores valores de biomasa aérea y mayores coeficientes de partición; no se diferenciaron, sin embargo en otros caracteres de guía, salvo en el tipo y forma de lóbulo y diámetro de entrenudos (Cuadros 65 y 60, Gráficos 3.9.1. c y d), en que habría una tendencia a presentar mayores escotaduras en las hojas y entrenudos de menor grosor, esta observación se apoya además en la correlación negativa entre tipo de lóbulo, coloración púrpura en la pulpa y algunos caracteres de hoja.

En las poblaciones del cultivar Bolívar, también se da esta relación entre coeficiente de partición y rendimiento en las poblaciones *Bolívar Moviglia* y *Bolívar INTA*, pero no es tan estrecha como en el cultivar anterior, ya que *Bolívar Degliantoni* tiene alto coeficiente de partición pero menor rendimiento que las demás (Gráficos 3.9.2. f, Cuadros 62 y 64). Las dos primeras poblaciones no difieren significativamente en rendimiento en raíces, ni en caracteres de guía como longitud de la lámina de la hoja, longitud del pecíolo, longitud de entrenudos, diámetro de entrenudos y número de lóbulos por hoja; ambas se caracterizan por poseer hojas con mayores longitudes de lámina y pecíolo, entrenudos de mayor diámetro y mayor rendimiento en raíces (Cuadros 64 y 65); tampoco difirieron estadísticamente en cuanto a su comportamiento frente a *Plenodomus destruens*, coincidiendo en ser las dos poblaciones más

Resultados y discusión Medias poblacionales.

susceptibles (Cuadro 65, Gráficos 3.9.2. a, d, c y 3.9.3.). A su vez, **Bolívar INTA** presentó la media más elevada en rendimiento en materia seca, número de raíces por planta y peso fresco de la biomasa aérea, esta población se diferencia de las del cv. Bolívar por su escasa pigmentación en las venas del envés de la hoja y del pecíolo (Cuadros 61 a 66, Gráfico 3.9.2. b).

El cv. **Rojo y Blanco**, con sus características específicas de guía y raíz, se diferenció notablemente, por su bajo rendimiento y porcentaje en materia seca en las raíces (Cuadro 62).

Como se puede observar **cada cultivar posee un patrón de diferenciación definido**, en **Morada**, el **porcentaje de color púrpura en la pulpa** va acompañado de diferencias en caracteres de importancia como rendimiento en raíces, coeficiente de partición, porcentaje y rendimiento en materia seca; mientras que en **Bolívar**, las diferencias en el potencial productivo van también acompañadas de variabilidad en caracteres de guía.

Gráfico 3.9.1 Medias de las variables a) peso fresco de la biomasa aérea y raíces (7)(g/planta), b) coeficiente de partición (1)(%), porcentaje de materia seca en raíz (2)(%) y rendimiento en materia seca (3)(g/planta), c) diámetro de entrenudos (4)(mm) y tipo de lóbulo central en hoja (5)(1 a 6 según escotadura creciente), d) porcentaje de pulpa de la raíz color púrpura (6)(%), para 5 poblaciones del cv Morada (1= M. Mirada, 2 = M. Parra, 3 = M. Gallina, 7 = M. Torino y 8 = M. INTA).

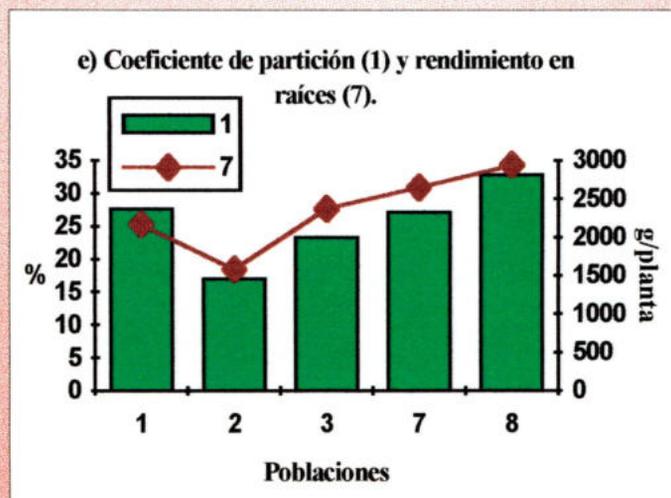
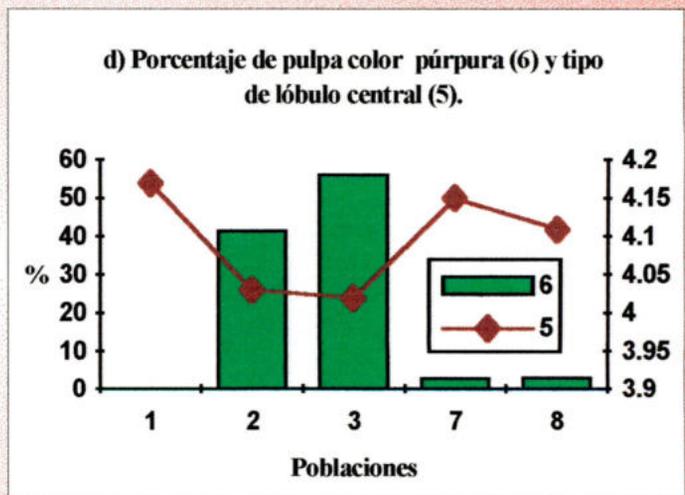
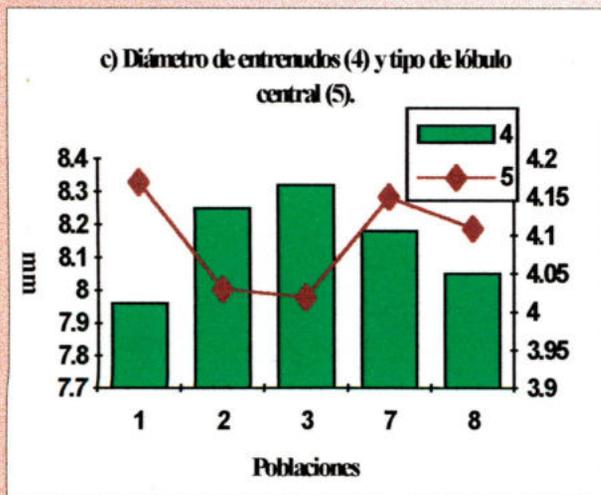
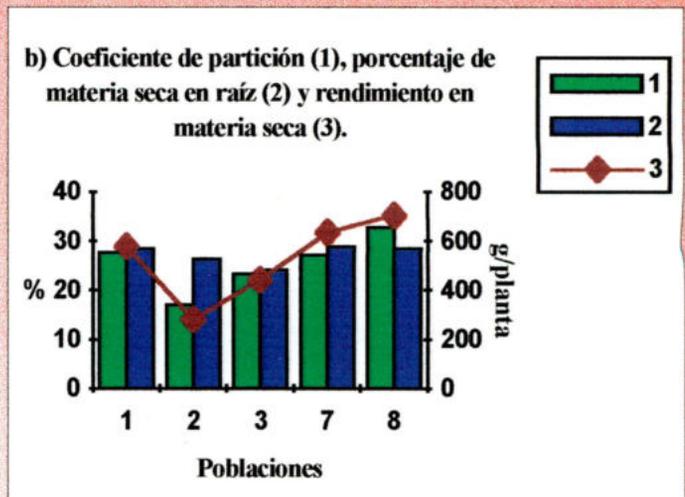
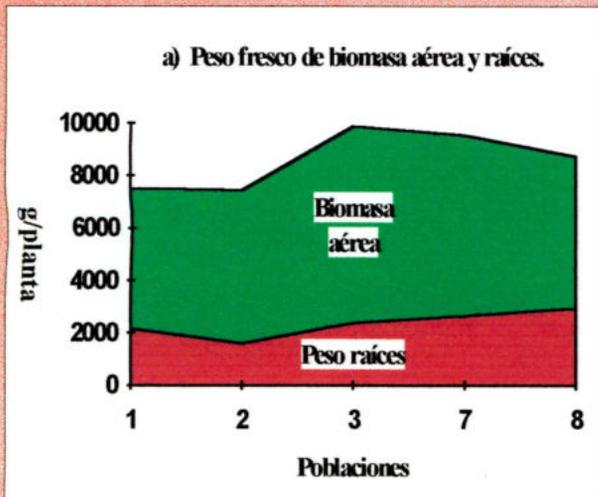


Gráfico 3.9.2. Medias de las variables a) longitud de la lámina de la hoja (1)(cm), longitud de peciolo (2)(cm) y longitud de entrenudos (3)(cm), b) pigmentación del peciolo (4)(1 a 6, proporción del peciolo color morado), pigmentación del envés (5)(1 a 8 proporción creciente de nervaduras color morado) y longitud de guías (6)(cm), c) área bajo la curva de progreso de la enfermedad (*Plenodomus destruens*) (7) y diámetro de entrenudos (8)(mm), d) peso fresco de la biomasa aérea (9) y de raíces (10) (g/planta), e) coeficiente de partición (11)(%), porcentaje de materia seca en raíz (12)(%) y rendimiento en materia seca (13)(g/planta), f) coeficiente de partición (11)(%) y rendimiento en raíces (10)(g/planta), para 4 poblaciones del cv. Bolívar (4=B. Degliantoni, 5= B. Moviglia, 6=B. Torino y 9=B. INTA).

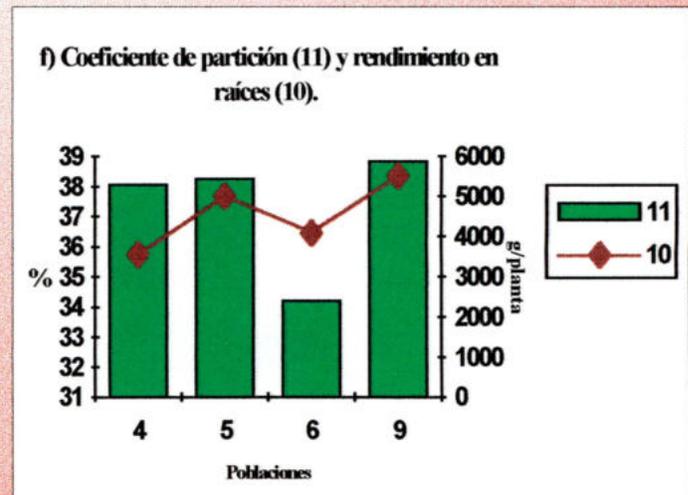
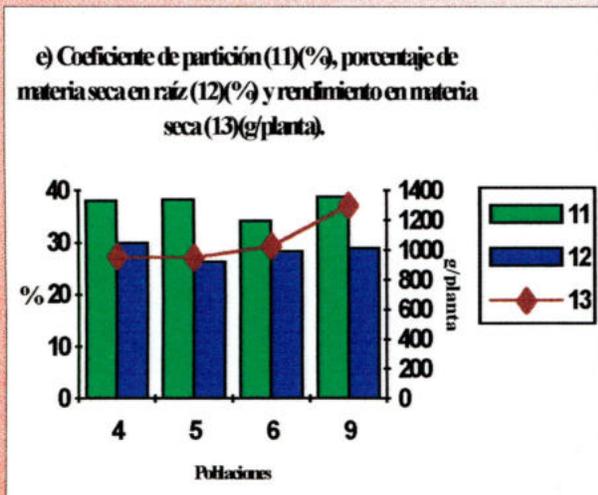
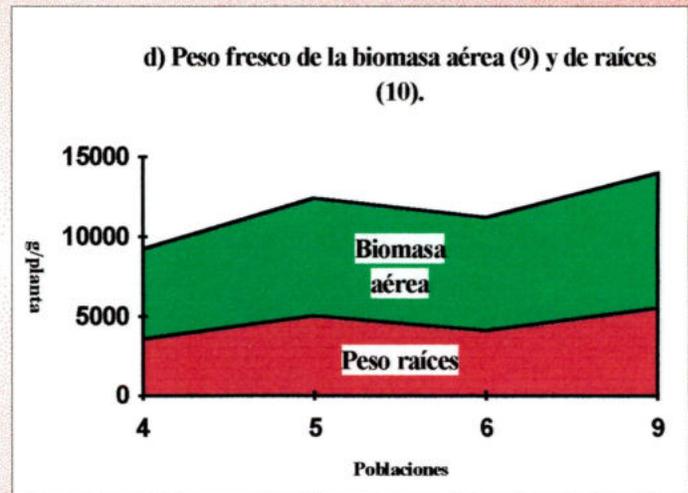
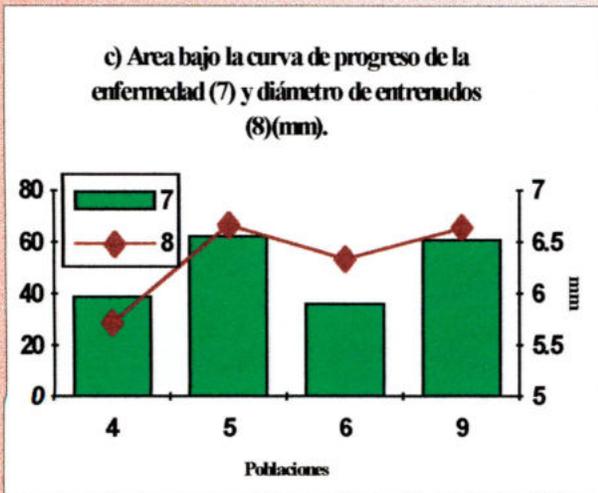
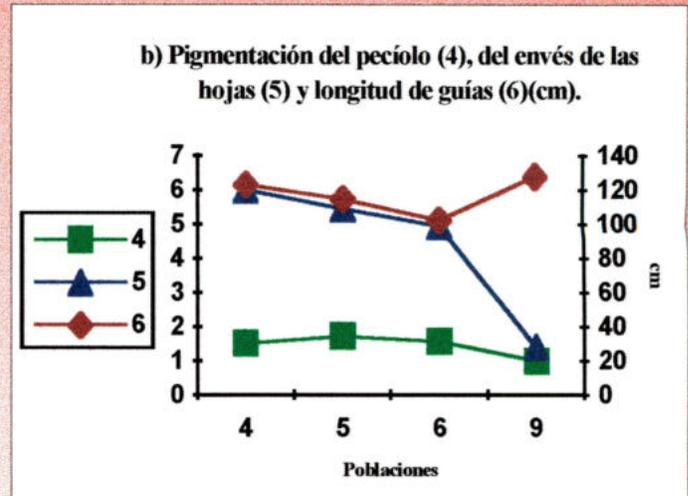
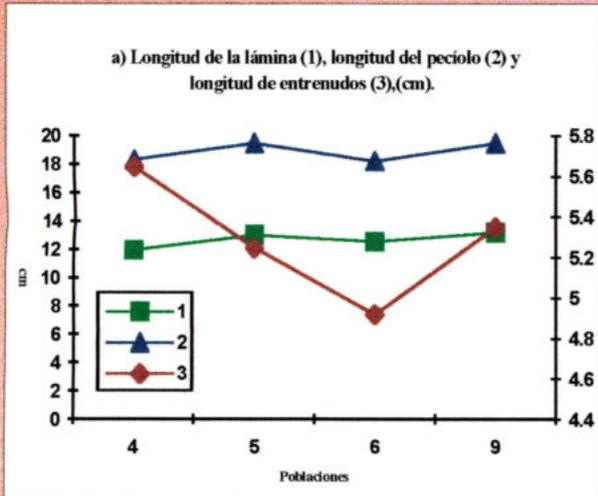
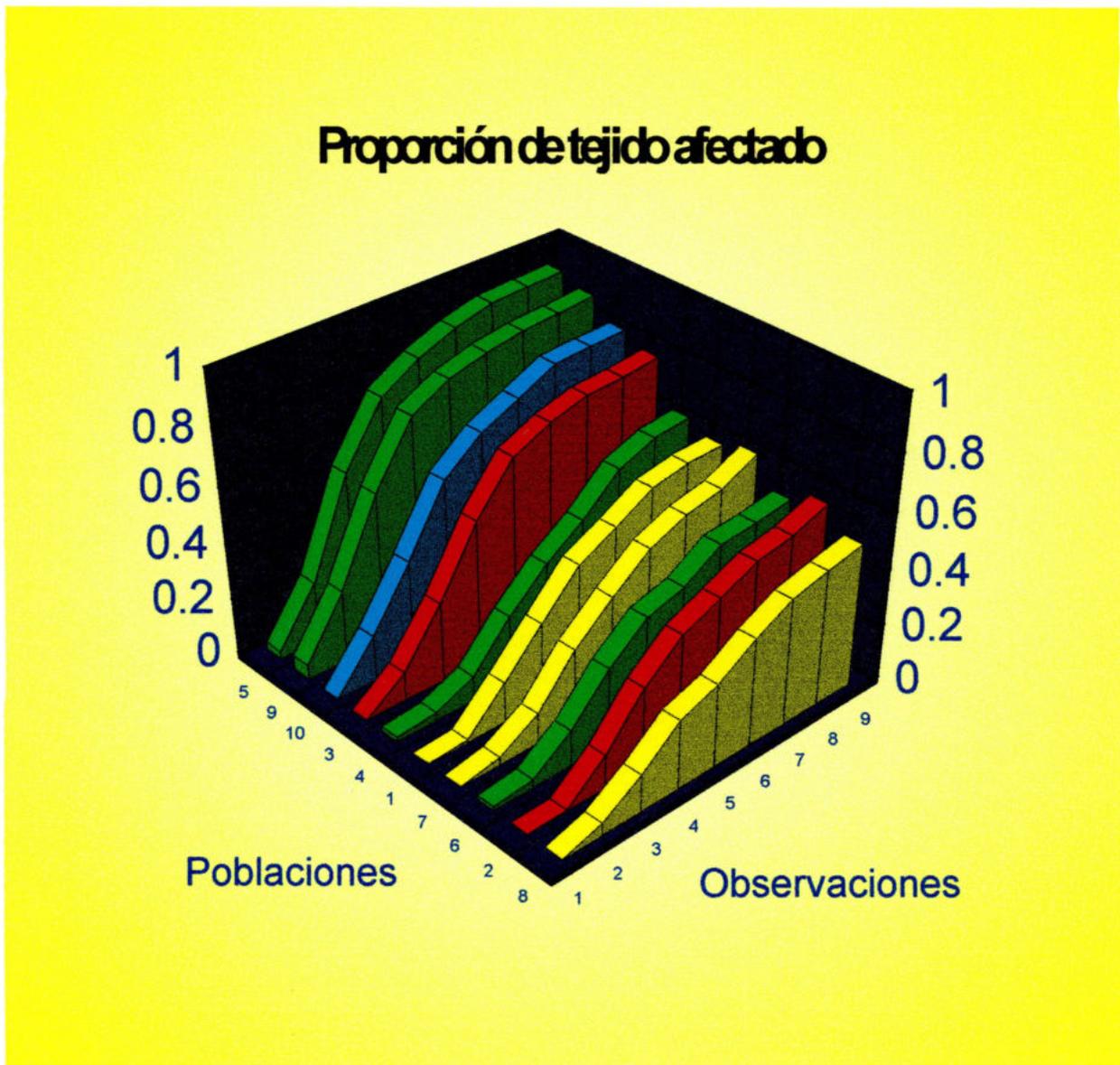


Gráfico 3.9.3. Medias poblacionales para proporción de tejido afectado por “peste negra” (*Plenodomus destruens*), a lo largo de 9 observaciones; 1=21/5, 2=31/5, 3=8/6, 4=22/6, 5=5/7, 6=23/7, 7=10/8, 8=25/8 y 9=25/9. (Poblaciones: 1=M. Mirada, 2=M. Parra, 3= M. Gallina, 4=B. Degliantoni, 5= B. Moviglia, 6= B. torino, 7=M. Torino, 8= M. INTA, 9= B. INTA, 10=Rojo y Blanco).



3.10. Análisis multivariado

3.10.1. Análisis de componentes principales

Cuadro 67. Análisis de componentes principales para el total de poblaciones.

Eje	Caracteres más representados	variancia (%)	Variancia acumulada
I	Longitud de guías Longitud de entrenudos Hendiduras longitudinales Tipo de lóbulo central Pigmentación del pecíolo Color secundario (2) en la pulpa Rendimiento en raíces Coeficiente de partición Número de tubérculos por planta	56	56
II	Rendimiento en materia seca Porcentaje en materia seca Longitud de la lámina en hoja Diámetro de entrenudos Longitud del pecíolo Pigmentación del envés Peso fresco biomasa aérea Constricciones horizontales Color secundario (1) en la pulpa	18	74
III	Peso fresco biomasa aérea Peso individual raíz Color secundario en la piel de la raíz Constricciones horizontales Forma de la raíz Area bajo la curva de la enfermedad	8	82

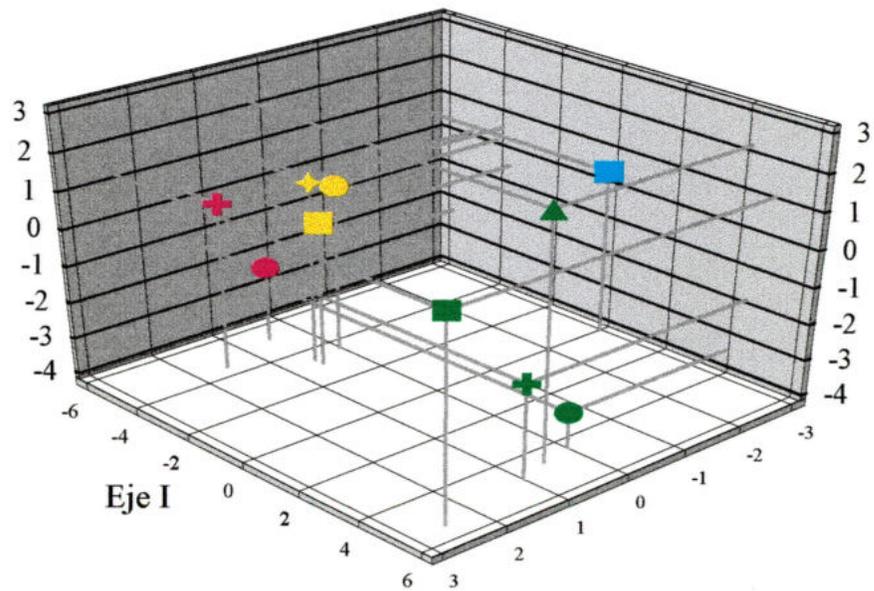
El Cuadro 67, muestra los caracteres más representados en cada eje, su número es relativamente alto, debido a que todos aportan en proporción similar, a la variancia.

El gráfico 3.10.1., muestra el ordenamiento en un espacio tridimensional, conformado por los tres primeros ejes del análisis de componentes principales, que reúnen el 82 % de la variancia total, a las 10 poblaciones de batata. **En él se pueden observar tres grupos principales, uno conformado por las poblaciones del cv. Morada, otro por las poblaciones del cv. Bolívar y apartado de ambos el cv. Rojo y Blanco.**

Analizando cada grupo en particular, el correspondiente a Bolívar consiste en dos poblaciones muy cercanas en los ejes I y II (*Bolívar Degliantoni* y *Bolívar Torino*), a éstas se agrega *Bolívar Moviglia*, separada de las anteriores por el eje III, pero ligada a *Bolívar INTA* por los ejes I y III. Esta ordenación en el espacio coincide con los resultados obtenidos en el análisis univariado (Cuadros 62 a 65), los dos grupos de poblaciones se diferencian entre sí, para caracteres como diámetro y longitud de entrenudos, longitud del pecíolo y de la lámina de la hoja y rendimiento en raíces, de importancia en los dos primeros ejes, a su vez *Bolívar INTA*, se aparta del resto por el eje II, donde prevalecen las variables que la diferencian, como son rendimiento en materia seca, peso fresco de la biomasa aérea y pigmentación del envés (Ver Cuadro 67).

En el grupo correspondiente al cv. Morada, las poblaciones *Morada Mirada*, *Morada Torino* y *Morada INTA*, son vecinas en el espacio conformado por los tres ejes, coincidiendo con ser las tres poblaciones con pulpa lisa, de ellas se apartan *Morada gallina* por el eje II y *Morada Parra* por el eje III (Ver Cuadro 67).

Gráfico 3.10.1. Análisis de componentes principales para 10 poblaciones de batata (1=M. Mirada, 2=M. Parra, 3=M. Gallina, 4= B. Degliantoni, 5=B. Moviglia, 6=B. Torino, 7=M. Torino, 8=M. INTA, 9=B. INTA y 10=Rojo y Blanco).



Cuadro 68. Análisis de componentes principales para la población Morada Mirada.

Eje	Caracteres representados en mayor proporción en cada eje	Variación (%)	Variación acumulada
I	Longitud media de guías	18	18
	Longitud de la lámina		
	Longitud del pecíolo		
	Diámetro de entrenudos		
	Color secundario (1) en pulpa		
	Porcentaje de pulpa color púrpura		
II	Porcentaje de pulpa color púrpura	13	31
	Pigmentación del envés		
	Longitud de entrenudos		
	Distribución del color secundario (2) en pulpa		
	Constricciones horizontales en la raíz		
	Forma de la raíz		
III	Peso medio de la raíz	11	42
	Color secundario en la piel de la raíz		
	Longitud media de guías		
	Rendimiento en raíces		
	Tipo de lóbulo central		
	Forma del lóbulo central		

Cuadro 69. Análisis de componentes principales para la población Morada Parra.

Eje	Caracteres representados en mayor proporción en cada eje	Variación (%)	Variación acumulada
I	Longitud media de guías	18	18
	Rendimiento en raíces		
	Peso fresco biomasa aérea		
	Longitud de entrenudos		
	Número de tubérculos por planta		
	Color secundario de la piel de la raíz		
II	Distribución del color secundario (2) en pulpa	15	33
	Número de lóbulos por hoja		
	Color secundario en la piel de la raíz		
	Hendiduras longitudinales en la raíz		
	Tipo de lóbulo central		
	Porcentaje de pulpa color púrpura		
III	Peso individual de raíces	10	43
	Color secundario (1) en la pulpa		
	Longitud del pecíolo		
	Área bajo la curva de la enfermedad		
	Porcentaje de pulpa color púrpura		
	Coefficiente de partición		

Resultados y discusión Análisis multivariado.

Cuadro 70. Análisis de componentes principales para la población Morada Torino.

Eje	Caracteres representados en mayor proporción en cada eje	Variación (%)	Variación acumulada
I	Longitud media de guías	15	15
	Color secundario (1) en la pulpa		
	Distribución del color secundario (1) en la pulpa		
	Porcentaje de pulpa color púrpura		
	Color primario en la piel de la raíz		
	Color secundario en la piel de la raíz		
II	Longitud de la lámina	11	26
	Color secundario (2) en la pulpa		
	Tipo de lóbulo central		
	Forma de la raíz		
	Area bajo la curva de la enfermedad		
	Número de tubérculos por planta		
III	Forma del lóbulo central	11	37
	Coefficiente de partición		
	Distribución del color secundario (2) en la piel		
	Rendimiento en raíces		
	Longitud de entrenudos		
	Color secundario en la piel de la raíz		

Cuadro 71. Análisis de componentes principales para la población Morada INTA.

Eje	Caracteres representados en mayor proporción en cada eje	Variación (%)	Variación acumulada
I	Longitud de entrenudos	21	21
	Color secundario (2) en la pulpa		
	Distribución del color secundario (1) en la pulpa		
	Pigmentación del envés		
	Pigmentación del pecíolo		
	Tipo de lóbulo central		
II	Longitud media de guías	15	35
	Porcentaje de pulpa color púrpura		
	Longitud de la lámina de la hoja		
	Rendimiento en raíces		
	Peso fresco de la biomasa aérea		
	Número de lóbulos por hoja		
III	Número de tubérculos por planta	11	46
	Coefficiente de partición		
	Diámetro de entrenudos		
	Longitud de la lámina de la hoja		
	Longitud del pecíolo		
	Peso fresco de la biomasa aérea		

Cuadro 72. Análisis de componentes principales para la población Morada Gallina.

Eje	Caracteres representados en mayor proporción en cada eje	Variación (%)	Variación acumulada
I	Longitud media de guías	18	18
	Rendimiento en raíces		
	Tipo de lóbulo central		
	Forma del lóbulo central		
	Color secundario en la piel de la raíz		
	Porcentaje de pulpa color púrpura		
II	Color secundario en la piel de la raíz	14	32
	Distribución del color secundario (1) en la pulpa		
	Distribución del color secundario (2) en la pulpa		
	Constricciones horizontales en la raíz		
	Diámetro de entrenudos		
III	Número de lóbulos por hoja	10	42
	Tipo del lóbulo central		
	Coefficiente de partición		
	Area bajo la curva de la enfermedad		
	Rendimiento en raíces		
	Venas en la superficie de la raíz		
	Número de tubérculos por planta		

Cuadro 73. Análisis de componentes principales para la población Bolívar INTA.

Eje	Caracteres representados en mayor proporción en cada eje	Variación (%)	Variación acumulada
I	Longitud media de guías	20	20
	Rendimiento en raíces		
	Peso individual de raíces		
	Peso fresco biomasa aérea		
	Longitud de la lámina		
	Longitud del pecíolo		
II	Color secundario en la piel de la raíz	13	33
	Distribución del color secundario (1) en la pulpa		
	Coefficiente de partición		
	Número de tubérculos por planta		
	Pigmentación del envés		
III	Diámetro de entrenudos	12	45
	Color secundario (1) en la pulpa		
	Distribución del color secundario (1) en la pulpa		
	Tipo de lóbulo central		
	Forma del lóbulo central		
	Perfil general de la hoja		
	Color primario de la piel de la raíz		

Resultados y discusión Análisis multivariado.

Cuadro 74. Análisis de componentes principales para la población Bolívar Torino.

Eje	Caracteres representados en mayor proporción en cada eje	Variación (%)	Variación acumulada
I	Tipo de lóbulo central Pigmentación del envés Forma del lóbulo central Pigmentación del pecíolo Perfil general de la hoja Longitud del pecíolo	20	20
II	Color secundario en la piel de la raíz Longitud de la lámina Peso fresco biomasa aérea Pigmentación del envés Venas en la superficie de la raíz Distribución del color secundario (1) en la pulpa	14	34
III	Color secundario (1) en la pulpa Número de tubérculos por planta Longitud media de guías Longitud de entrenudos Número de lóbulos por hoja Pigmentación del pecíolo	12	46

Cuadro 75. Análisis de componentes principales para la población Bolívar Moviglia.

Eje	Caracteres representados en mayor proporción en cada eje	Variación (%)	Variación acumulada
I	Longitud media de guías Coeficiente de partición Peso individual de raíces Rendimiento en raíces Perfil general de la hoja Color primario en la piel de la raíz	17	17
II	Diámetro de entrenudos Longitud de la lámina Longitud del pecíolo Tipo de lóbulo central Forma del lóbulo central Perfil general de la hoja	15	32
III	Pigmentación del pecíolo Área bajo la curva de la enfermedad Pigmentación del envés Color secundario (1) en la pulpa de la raíz Distribución del color secundario (1) en la pulpa de la raíz Hendiduras longitudinales	11	43

Cuadro 76. Análisis de componentes principales para la población Bolívar Degliantoni.

Eje	Caracteres representados en mayor proporción en cada eje	Variación (%)	Variación acumulada
I	Constricciones horizontales	16	16
	Hendiduras longitudinales		
	Diámetro de entrenudos		
	Longitud de la lámina		
	Longitud del peciolo		
	Peso individual de raíces		
II	Número de lóbulos por hoja	15	31
	Número de tubérculos por planta		
	Tipo de lóbulo central		
	Forma del lóbulo central		
	Perfil general de la hoja		
	Venas en la superficie de la raíz		
III	Peso fresco biomasa aérea	10	41
	Pigmentación del peciolo		
	Número de lóbulos por hoja		
	Coefficiente de partición		
	Distribución del color secundario (1) en la pulpa		
	Forma de la raíz		

Cuadro 77. Análisis de componentes principales para la población Rojo y Blanco.

Eje	Caracteres representados en mayor proporción en cada eje	Variación (%)	Variación acumulada
I	Pigmentación del peciolo	16	16
	Color secundario en la piel		
	Longitud de la lámina		
	Peso individual de raíces		
	Color primario en la piel		
	Forma de la raíz		
II	Longitud de guías	13	29
	Coefficiente de partición		
	Rendimiento en raíces		
	Forma del lóbulo central		
	Diámetro de entrenudos		
	Longitud de la lámina de la hoja		
III	Longitud de entrenudos	10	39
	Venas en la superficie de la raíz		
	Pigmentación del envés		
	Número de lóbulos por hoja		
	Distribución del color secundario (1) en la pulpa de la raíz		
	Color secundario en la piel de la raíz		

3.10.2. Análisis de agrupamientos

Se realizó el análisis de agrupamientos según la técnica del ligamiento promedio, para dibujar los fenogramas se individualizaron las poblaciones del cv. Morada con color amarillo (las de pulpa lisa) y con rojo (las de pulpa con mancha púrpura), se dibujó con verde a las poblaciones del cv. Bolívar y con azul al cv. Rojo y Blanco; en los fenogramas de cada población, también se individualizaron a los genotipos con colores, para esto, se eligieron variables que registraron altos GDG en el análisis univariado dentro de poblaciones, éstas fueron porcentaje de pulpa color púrpura en el cultivar Morada, diámetro de entrenudos en el cultivar Bolívar, y número de tubérculos por planta para la población correspondiente al cultivar Rojo y Blanco (Cuadros 20, 21 y 33).

Como se puede observar en los fenogramas de cada población, los genotipos se agrupan en cada cultivar, respetando el patrón de diferenciación que evidenciaron en el análisis univariado, es decir según la coloración de la pulpa en Morada, según el número de tubérculos en Rojo y Blanco y según caracteres de guía en Bolívar.

Las poblaciones del cv. Morada cercanas en el espacio, para el análisis de componentes principales, forman los mismos “clusters”, en el análisis de agrupamientos y tienen medias similares, para variables correlacionadas estadísticamente con el color púrpura en pulpa, como son el rendimiento y porcentaje de materia seca, el tipo de lóbulo central en la hoja y el diámetro de entrenudos (Ver Cuadros 60, 41, 48, 62 y 66 y Gráfico 3.9.1.) y otros de importancia agronómica, como el coeficiente de partición (Ver Cuadro 64 y Gráfico 3.9.1.b).

También en el cv. Bolívar podemos observar una coincidencia entre las técnicas de ordenamiento y de agrupamiento, el análisis univariado y los tests no paramétricos, (Ver Cuadros 61, 62, 64 y 65 y Gráfico 3.9.2.). El fenograma muestra una similitud entre las poblaciones Bolívar Degliantoni y Bolívar Torino por un lado y Bolívar Moviglia y Bolívar INTA por otro, esto dos grupos se diferencian entre sí para caracteres de guía, rendimiento en raíces y área bajo la curva de la enfermedad (Ver Gráficos 3.9.2. y 3.9.3.), la última población a su vez, se distingue del resto por su alta producción en materia seca, peso fresco de la biomasa aérea y baja pigmentación en el envés de las hojas.

El gráfico 3.10.2. muestra el ordenamiento en el espacio de los genotipos de cada una de las poblaciones analizadas en el cultivar Morada INTA. En la población *Morada Mirada*, podemos observar un conglomerado de clones, más algunos genotipos distanciados por los ejes I y II, esta población tiene un CV_g medio dentro de su cv. y un porcentaje de variables que mostraron variabilidad intrapoblacional del 17 % (Cuadro 36), Sólo tres variables de las representadas en los ejes, fueron significativas (Cuadros 28 y 68), de ellas el porcentaje de pulpa color púrpura, se encuentra en los dos primeros ejes que separan a los clones, a su vez el fenograma para esta población, muestra que los individuos de pulpa manchada forman un cluster que se une al resto a mayor distancia.

Según el análisis de componentes principales (Gráfico 3.10.2.), *Morada Parra*, estaría formada por un grupo de clones muy compacto y un número de genotipos muy dispersos, separados por los dos primeros ejes, a excepción del número de lóbulos por hoja y longitud de entrenudos, las variables que aportan a éstos, mostraron diferencias altamente significativas en el ANVA (Cuadros 29 y 69). En el análisis de agrupamientos, el fenograma muestra un cluster muy definido, formado por los genotipos de pulpa lisa y un número de clones que se agregan individualmente. Esta población presentó el mayor CV_g medio y el mayor porcentaje de variables con diferencias significativas (Cuadro 36).

En *Morada Gallina*, los clones se diferencian por el eje I, (Gráfico 3.10.2.) al cual aportan dos variables con diferencias significativas, longitud de guías y porcentaje de pulpa color púrpura (Cuadros 30 y 72), el fenograma para esta población muestra dos agrupamientos diferenciados compuestos por clones con pulpa lisa o manchada.

En la población con menor variabilidad dentro del cv. Morada, *Morada Torino* (Cuadro 36), los genotipos se separan por el eje III, donde se encuentran variables que mostraron diferencias significativas como Coeficiente de partición y distribución de color anaranjado en la pulpa (Cuadros 31 y 70) y por el eje I, al que aporta el porcentaje de pulpa color púrpura, el fenograma muestra la ausencia de agrupamientos muy definidos, posiblemente debido a la falta de variabilidad.

El gráfico 3.10.2. muestra a la población *Morada INTA*, como un conjunto de clones muy cercanos en el espacio, algo diferenciados por el eje III, de las variables que aportan a los ejes (Cuadro 32 y 71), sólo una resultó significativa en el eje I, al eje II aportan tres variables con diferencias significativas y al eje III una. El genotipo que se aleja pronunciadamente del resto por los ejes I y III, podría ser un clon de guías totalmente verdes (pigmentaciones que figuran en el eje I); a su vez el fenograma lo muestra muy aislado del resto agregándose independientemente y a mayor distancia del resto, este clon podría ser una variante de tallo verde dentro de Morada, o un material proveniente de otro cultivar.

El gráfico 3.10.3. muestra a los clones que conforman a *Bolívar Degliantoni* muy dispersos a través de los ejes I y II, en el primero hay tres variables que difieren estadísticamente en el ANVA (Cuadros 24 y 76), que a su vez responden a un patrón de diferenciación del cultivar, éstas son: diámetro de entrenudos y longitud de la hoja y del pecíolo; el fenograma muestra genotipos que se agrupan respondiendo, en forma general, a este patrón de diferenciación.

Bolívar Moviglia es la población más variable de este cv. (Cuadro 36), con un alto porcentaje de variables cuantitativas con diferencias significativas entre genotipos, los clones se diferencian por los dos primeros ejes (Gráfico 8), el eje III, diferencia un genotipo que podría ser el mismo que se agrega a mayor distancia en el fenograma, esto coincide con el patrón de diferenciación por pigmentación en el envés (eje III), correlacionado con el diámetro de entrenudos (Cuadros 25 y 75), el fenograma para esta población, muestra clones agrupados en forma muy marcada por valores similares de esta última variable.

La población *Bolívar Torino*, tiene un mayor porcentaje de variables cualitativas significativas, los clones se diferencian por los dos primeros ejes (Cuadro 74), siendo en esta población muy importantes las variables tipo de lóbulo central, pigmentación del envés y del pecíolo, presentes en dichos ejes y que resultaron significativas en el test no paramétrico.

La población *Bolívar INTA*, es la menos variable del ensayo y de su cultivar (Cuadro 36), de hecho, sólo una variable de las que aportan a los ejes, resultó significativa (Cuadros 27 y 73), el gráfico 8 muestra un conglomerado de clones, con dos de ellos apartados del resto, que podrían ser los mismos que se ven, agregándose en forma independiente, en el fenograma.

Por último, para la población del cv. *Rojo y Blanco*, se observa una dispersión de los clones en los ejes I y II, donde sin embargo hay pocas variables con diferencias significativas (Cuadros 33 y 77), el fenograma muestra a clones con números similares de tubérculos, formando los mismos agrupamientos.

Gráfico 3.10.2. Análisis de componentes principales para 5 poblaciones del cultivar Morada.

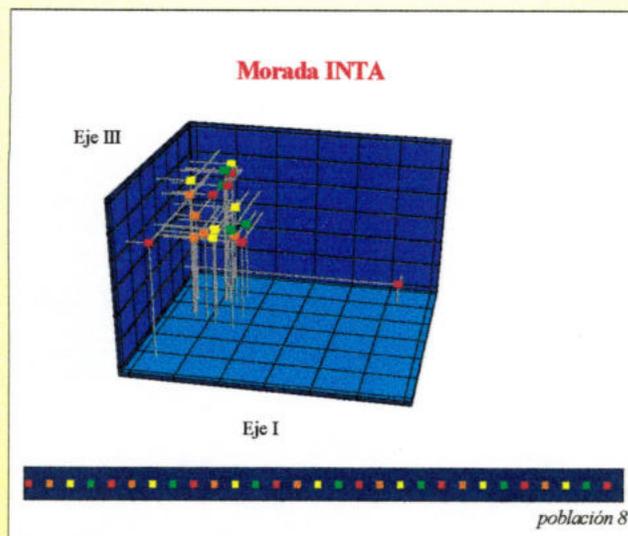
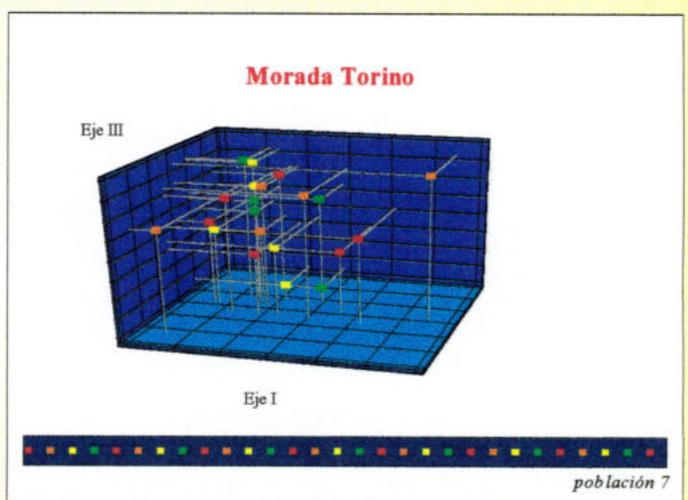
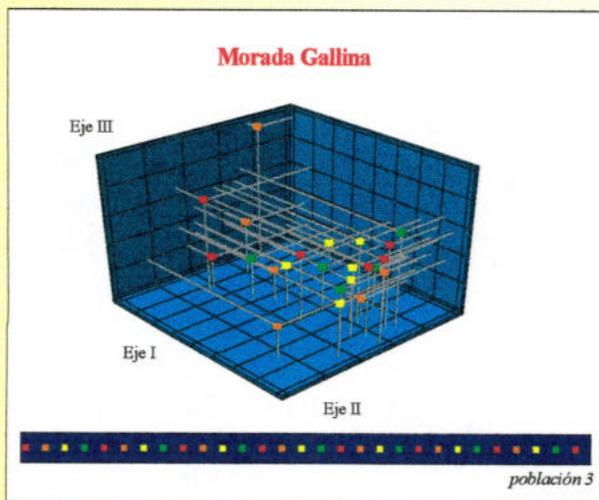
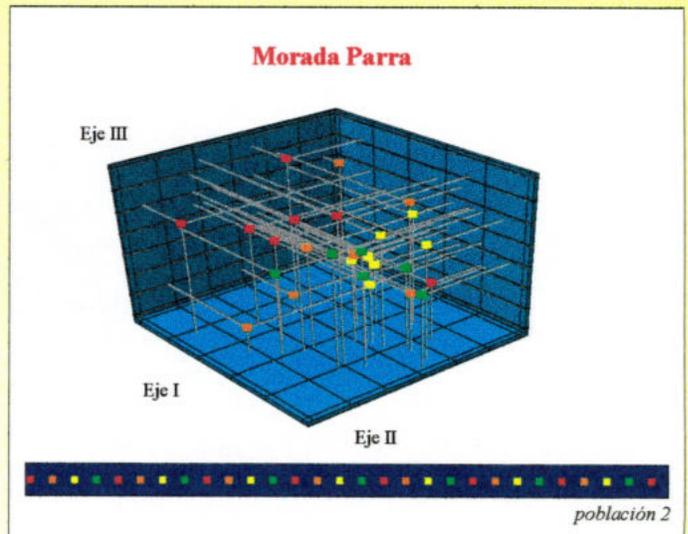
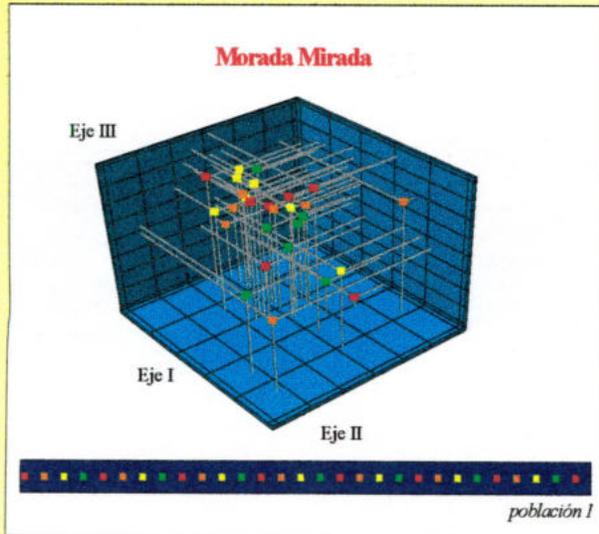
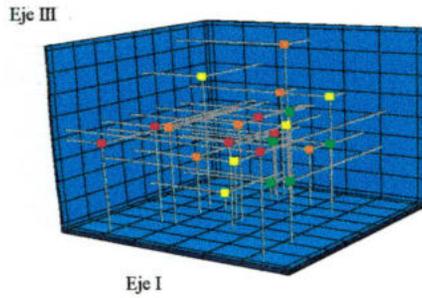
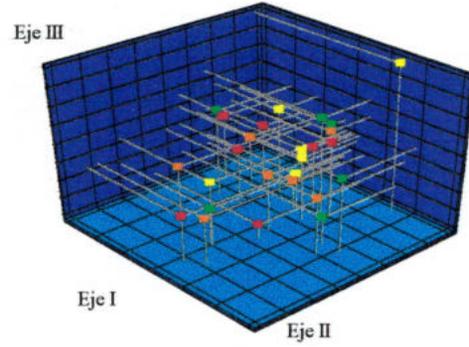


Gráfico 3.10.3. Análisis de componentes principales para poblaciones de los cultivares Bolívar y Rojo y Blanco.

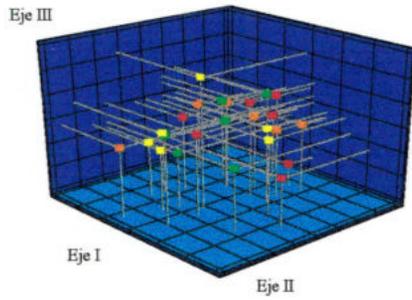
Bolívar Degliantoni



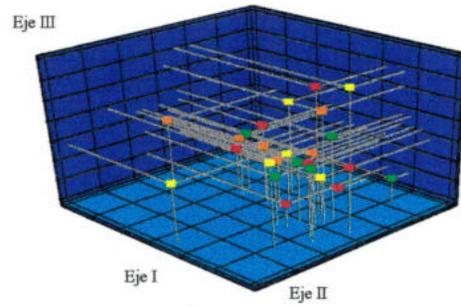
Bolívar Moviglia



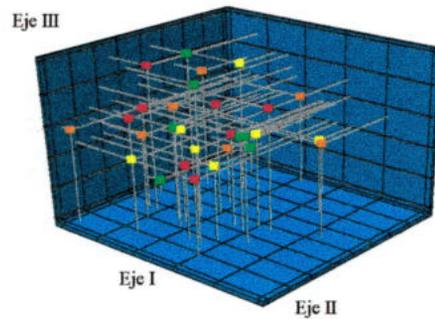
Bolívar Torino



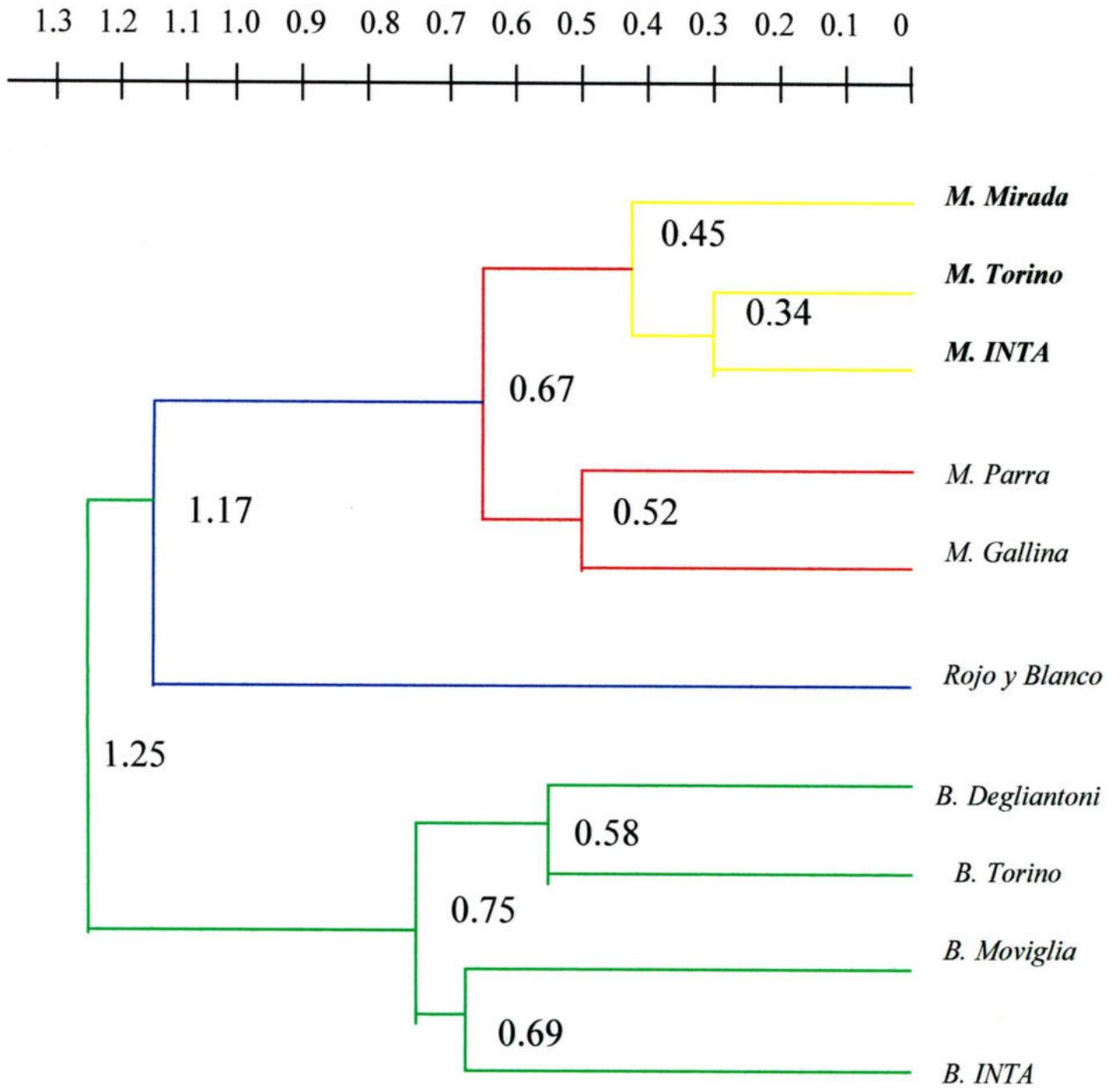
Bolívar INTA



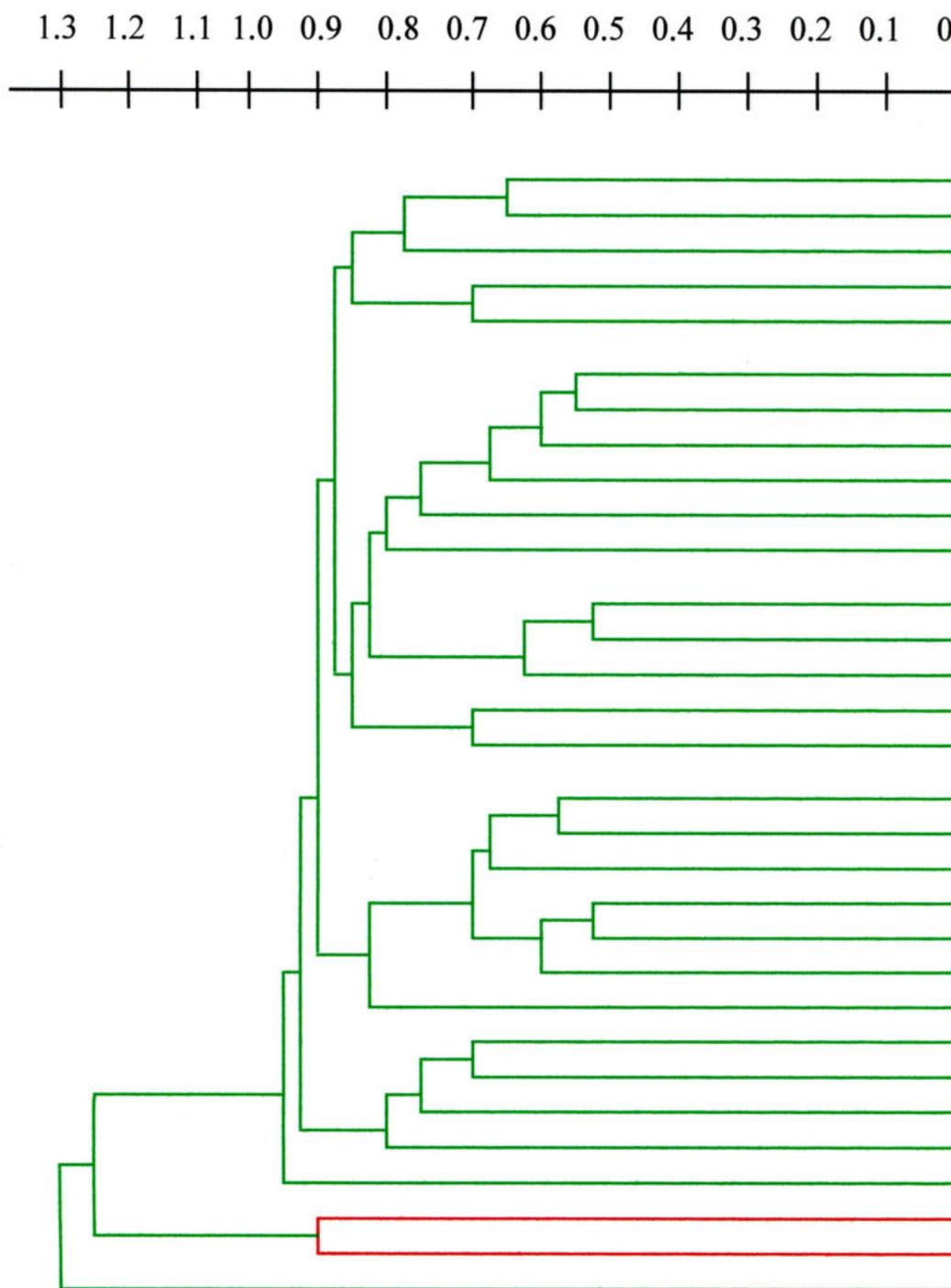
Rojo y Blanco



FENOGRAMA N° 1 ANALISIS GENERAL
Técnica del ligamiento promedio

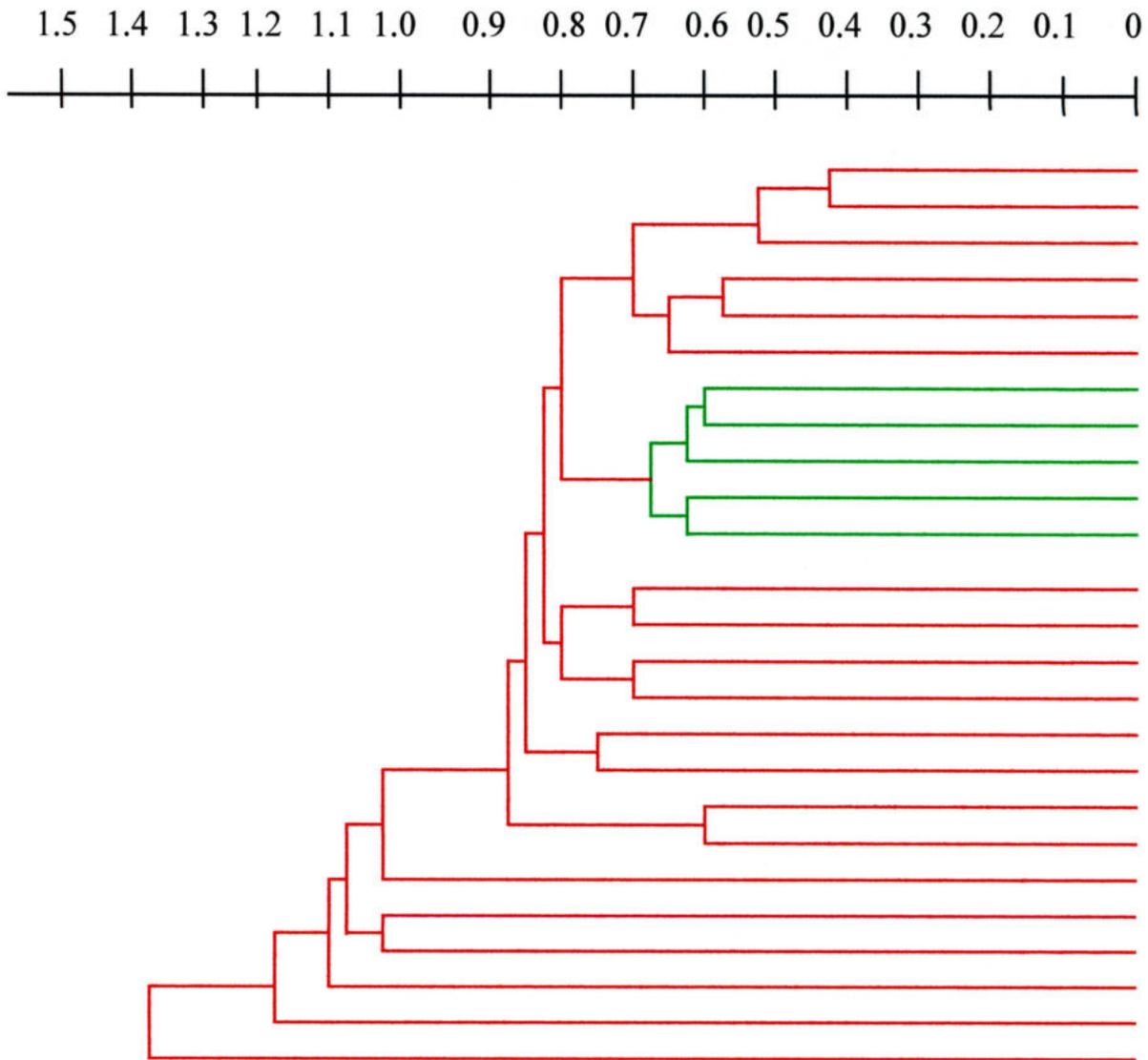


FENOGRAMA N° 2 POBLACION MORADA MIRADA
Técnica del ligamiento promedio



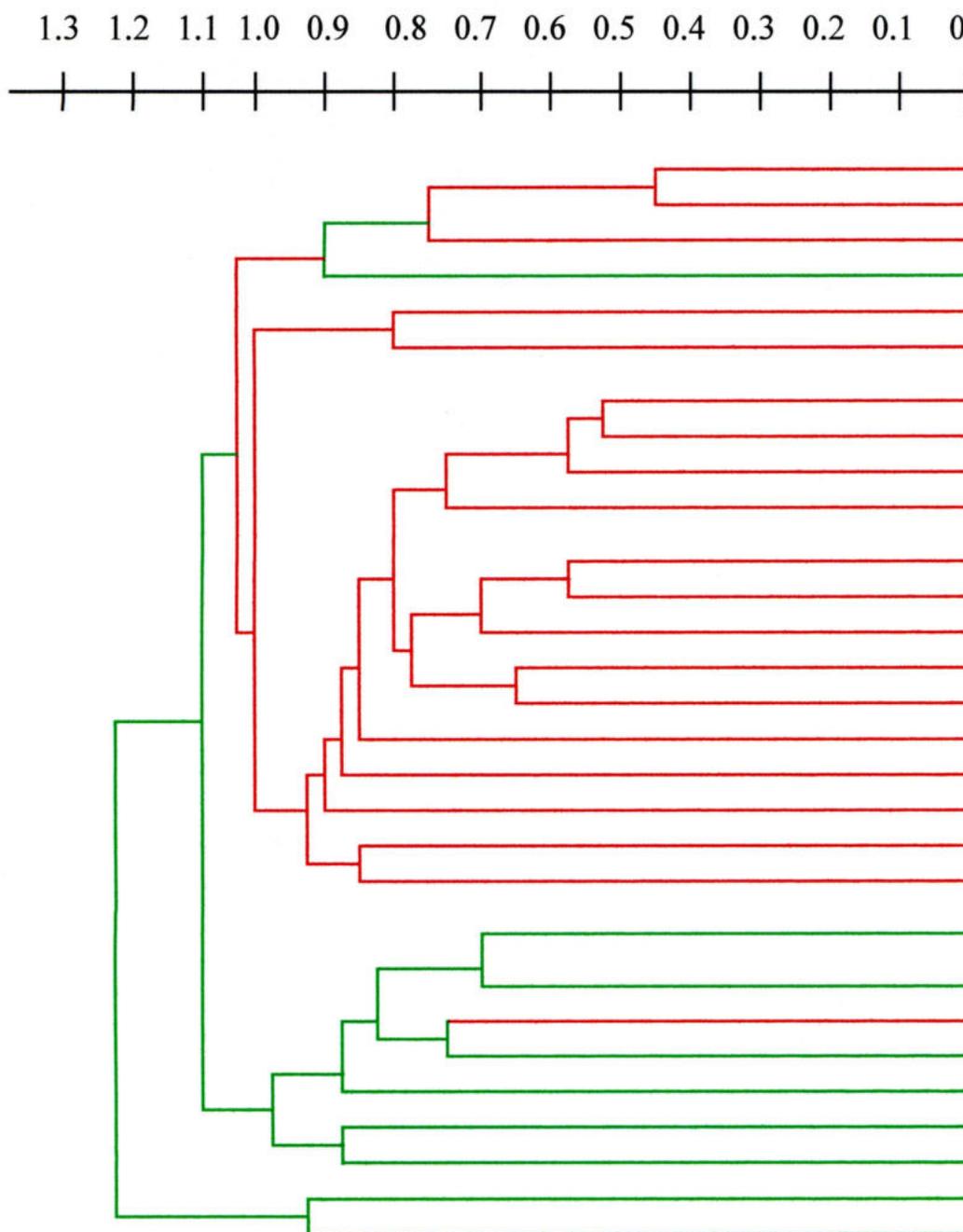
Los clusters dibujados con líneas rojas están constituidos por genotipos con manchas color púrpura en más del 20 % de la pulpa.

FENOGRAMA N° 3 POBLACION MORADA PARRA
Técnica del ligamiento promedio



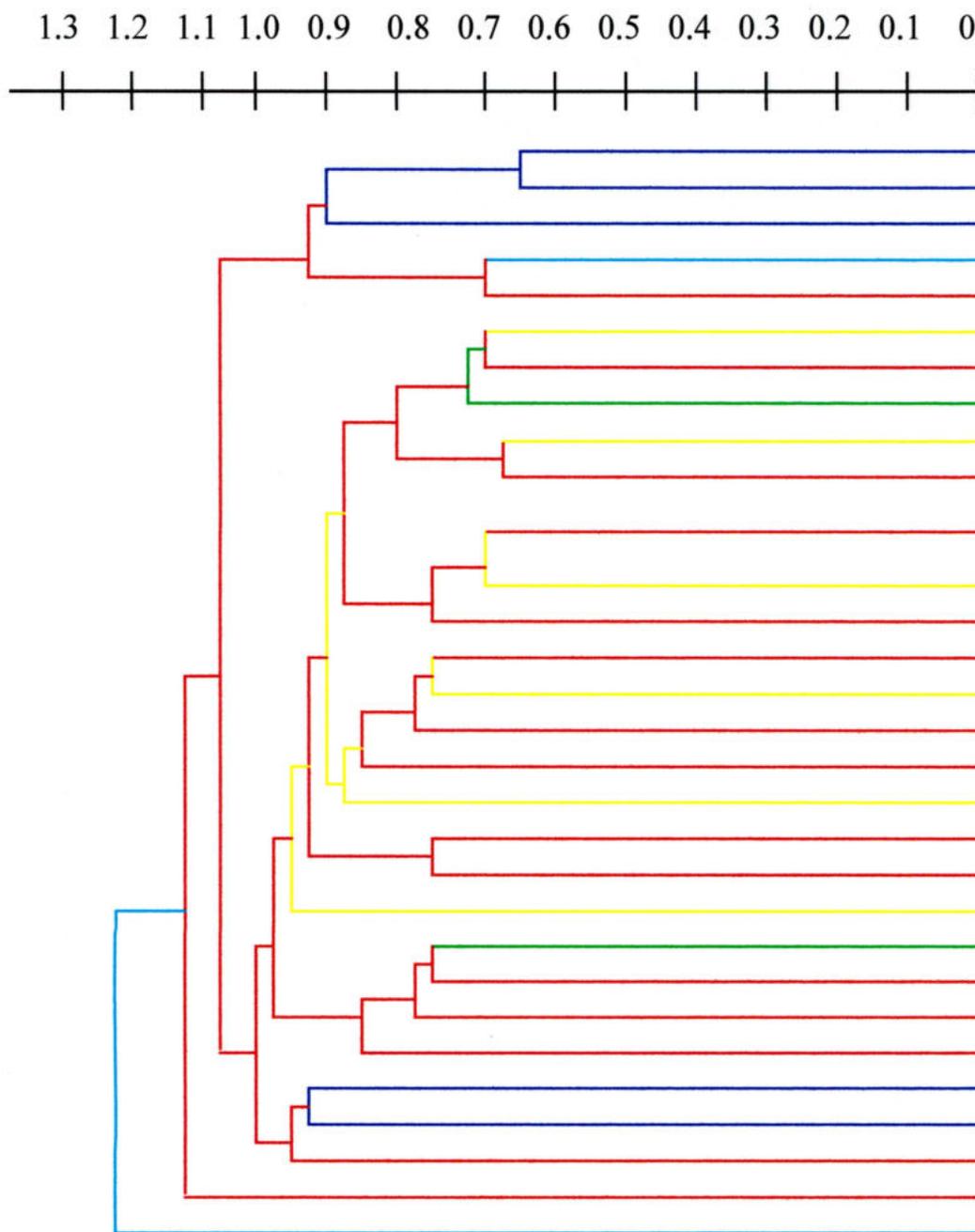
Los clusters dibujados con líneas rojas están constituidos por genotipos con manchas color púrpura en más del 20 % de la pulpa.

FENOGRAMA N° 4 POBLACION MORADA GALLINA Técnica del ligamiento promedio



Los clusters dibujados con líneas rojas están constituidos por genotipos con manchas color púrpura en más del 20 % de la pulpa.

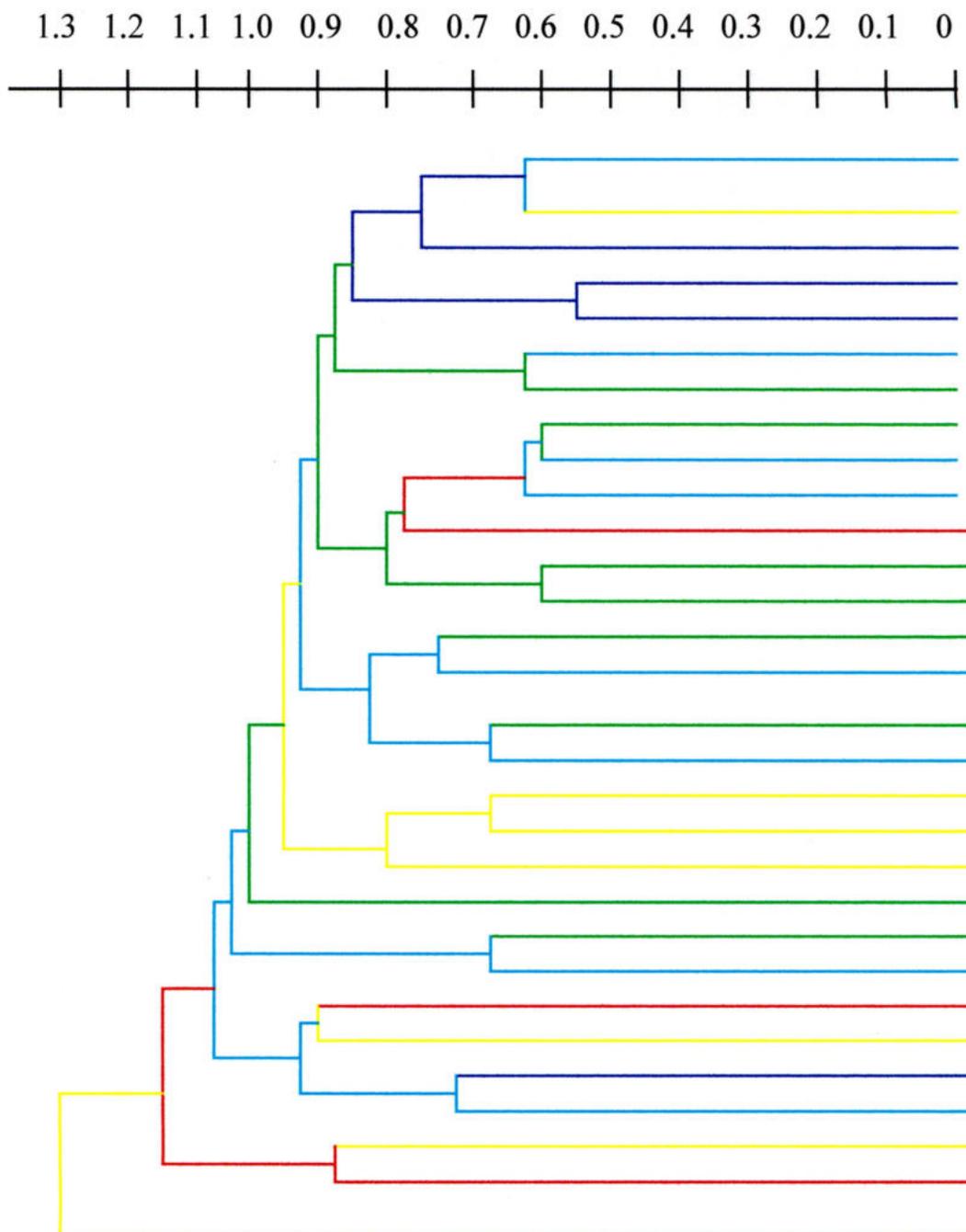
FENOGRAMA N° 5 POBLACION BOLIVAR DEGLIANTONI
Técnica del ligamiento promedio



Rangos de valores de diámetro de entrenudos (mm) de los genotipos:

- | | |
|---------------|---------------|
| — 6.60 - 6.36 | — 5.85 - 5.61 |
| — 6.35 - 6.11 | — 5.60 - 5.36 |
| — 6.10 - 5.86 | |

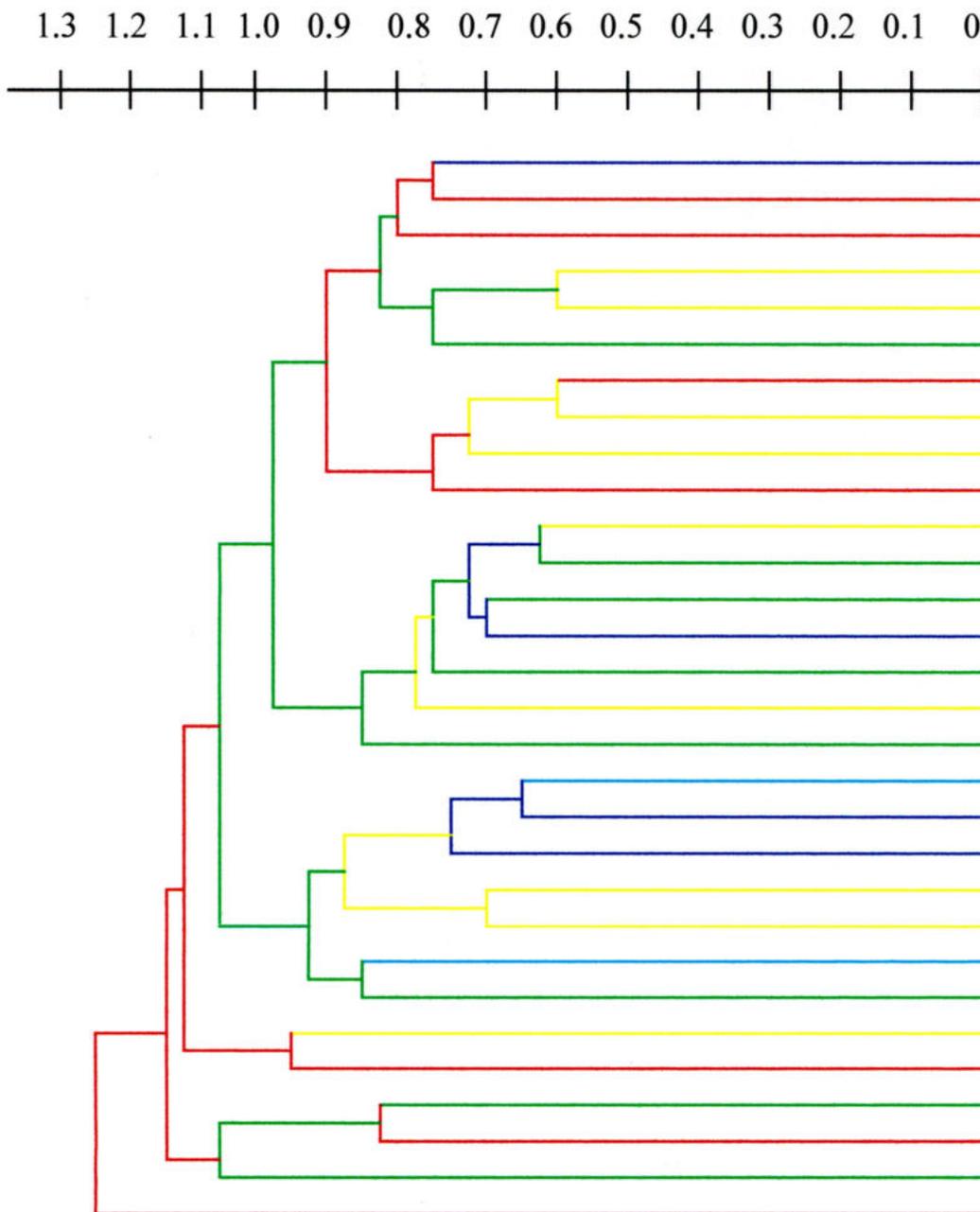
FENOGRAMA N° 6 POBLACION BOLIVAR MOVIGLIA
Técnica del ligamiento promedio



Rangos de valores de diámetro de entrenudos (mm) de los genotipos:

— 7.52 - 7.17	— 6.46 - 6.12
— 7.16 - 6.82	— 6.11 - 5.77
— 6.81 - 6.47	

FENOGRAMA N° 7 POBLACION BOLIVAR TORINO
Técnica del ligamiento promedio



Rangos de valores de diámetro de entrenudos (mm) de los genotipos:

— 7.51 - 7.11

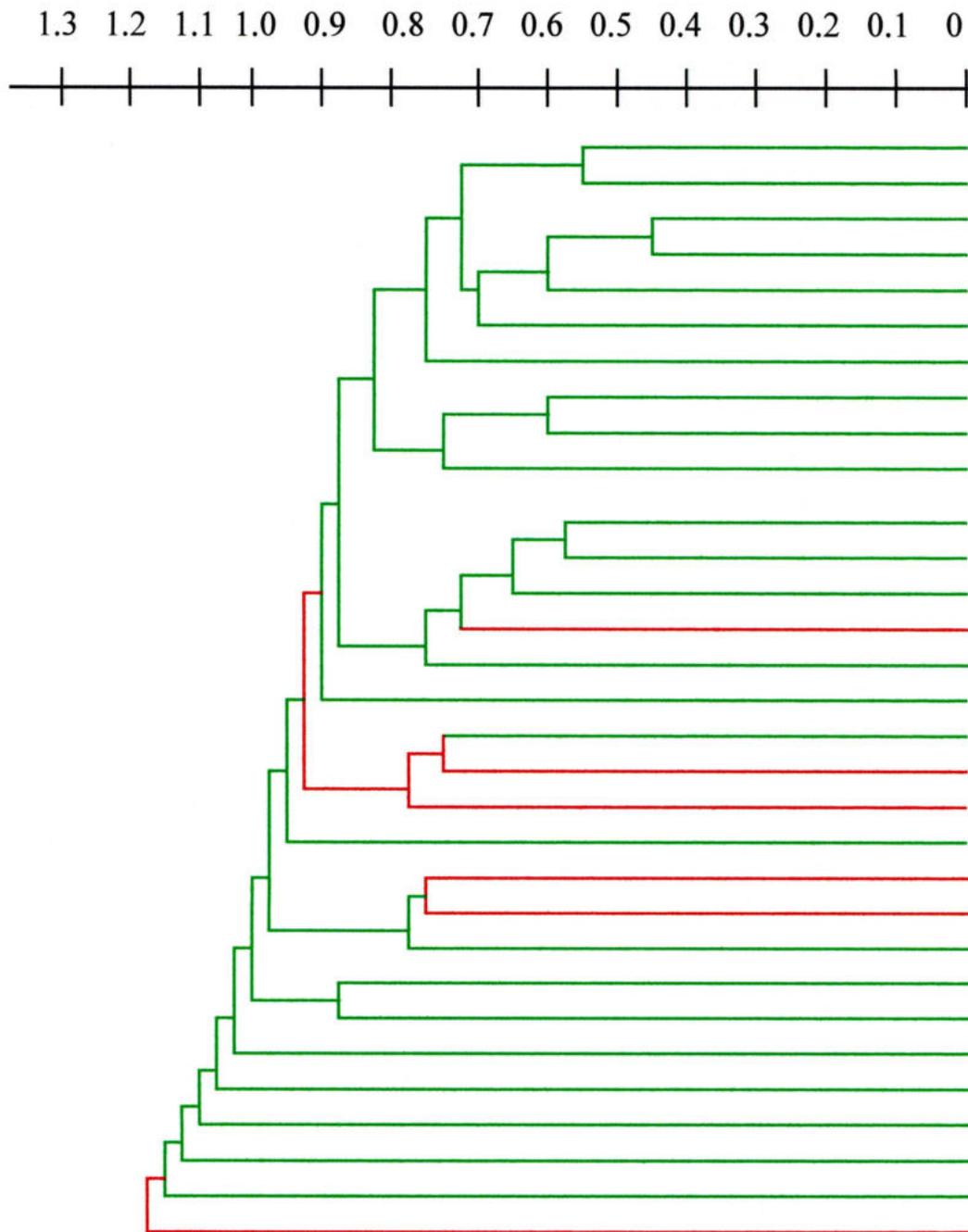
— 7.10 - 6.69

— 6.68 - 6.27

— 6.26 - 5.85

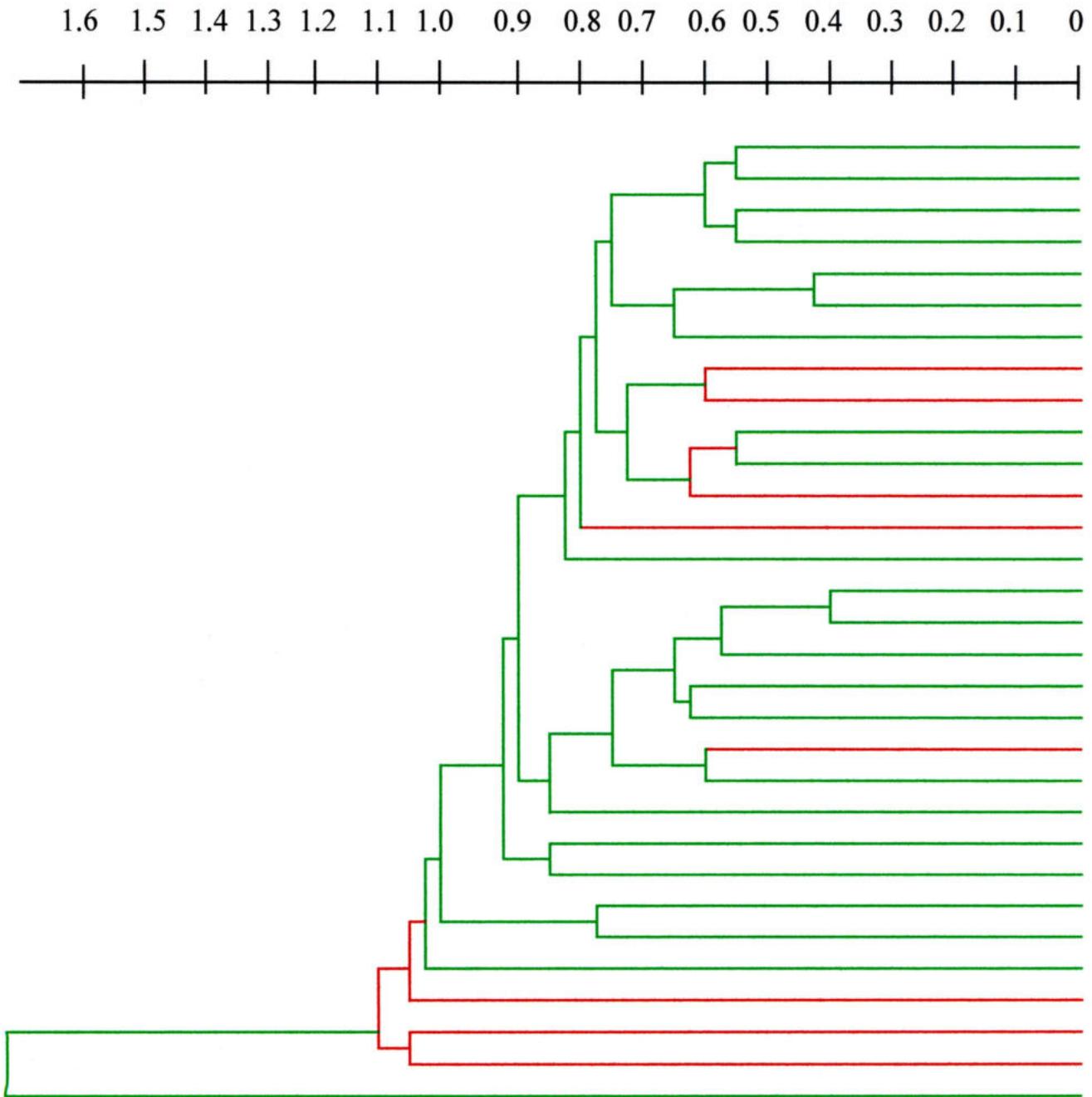
— 5.84 - 5.43

FENOGRAMA N° 8 POBLACION MORADA TORINO
Técnica del ligamiento promedio



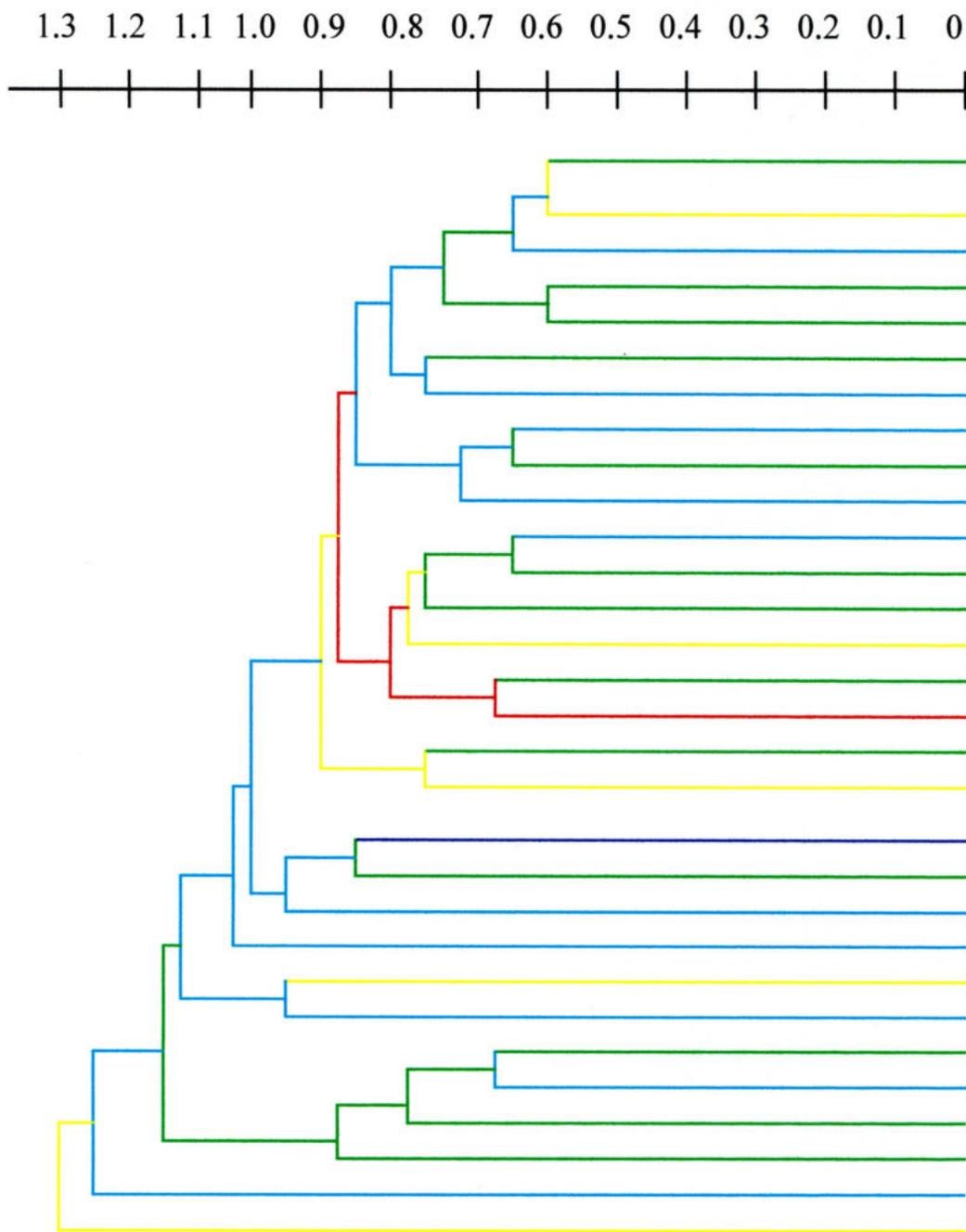
Los clusters dibujados con líneas rojas están constituidos por genotipos con manchas color púrpura en más del 20 % de la pulpa.

FENOGRAMA N° 9 POBLACION MORADA INTA
Técnica del ligamiento promedio



Los clusters dibujados con líneas rojas están constituidos por genotipos con manchas color púrpura en más del 20 % de la pulpa.

FENOGRAMA N° 10 POBLACION *BOLIVAR INTA*
Técnica del ligamiento promedio



Rangos de valores de diámetro de entrenudos (mm) de los genotipos:

— 7.28 - 7.01

— 7.00 - 6.73

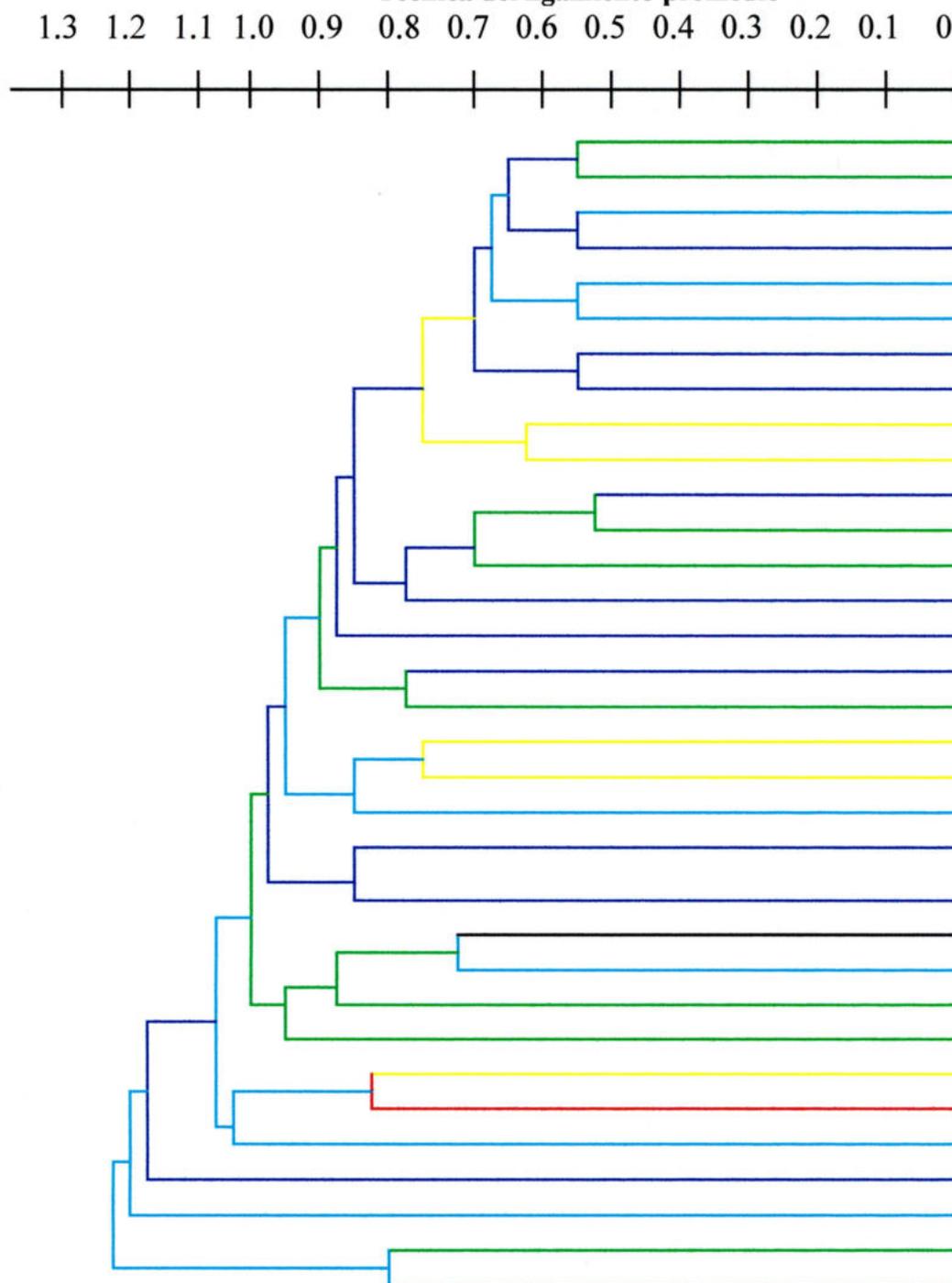
— 6.72 - 6.45

— 6.44 - 6.17

— 6.16 - 5.89

FENOGRAMA N° 11 POBLACION ROJO Y BLANCO

Técnica del ligamiento promedio



Rangos de valores de número de tubérculos por planta de los genotipos:

—	8.90 - 6.92	—	5.99 - 5.14	—	3.61 - 2.36
—	6.91 - 6.00	—	5.13 - 3.62	—	2.35 - 1.36

Fig. 7. Raíces del cv. Morada presentando manchas de color púrpura (superior) y raíces de pulpa lisa (inferior).



Fig. 8. Raíces del cv. Bolívar (superior) y diferentes formas de batatas (inferior).



Fig. 9. Pigmentación de las venas del envés y formas de la hoja del cv. Bolívar.



3.11. Discusión final

La variabilidad observada en los caracteres de guía y raíz analizados en los cultivares Morada INTA, Bolívar y Rojo y Blanco es de origen genético. De los efectos que, al confundirse con esta variancia, pudieran contribuir a su sobrestimación, se podría descartar el materno (Cuadros 1 y 2), ya que, si bien el tamaño de la raíz madre y del plantín inicial, demostraron estar relacionados en forma significativa a algunas de las variables estudiadas, su incorporación al análisis, no se consideró oportuna, por el bajo aporte que realizaban al modelo. Otro factor relacionado al anterior, podría ser la presencia de enfermedades de origen virósico en el material evaluado, también descartado como fuente de variación, ya que en una prospección realizada, en 1991, por investigadores del Instituto de Fitopatología y Fisiología Vegetal (IFFIVE) INTA, en la zona de San Pedro, que incluyó también las chacras de los productores muestreadas en este ensayo, no se encontraron síntomas de enanismo clorótico (IFFIVE, 1993).

La diferencia en variabilidad manifestada por caracteres cuantitativos y cualitativos, puede deberse en parte a la menor sensibilidad de los test no paramétricos, con respecto a los análisis de variancia y a que la jerarquización aplicada a los mismos, no haya reflejado totalmente la variabilidad existente, ya que, a categorías diferentes, puede corresponder un mismo valor; esto ocurrió, con algunos clones que poseían una distribución de la coloración anaranjada en la pulpa muy particular. Sin embargo la conversión de las variables cualitativas aplicada, permitió realizar el test no paramétrico de Friedman, que descarta la variación debida a bloques y realizar el análisis multivariado, con las variables codificadas de igual modo, lo que permitió sacar conclusiones que relacionaban los dos análisis.

Los genotipos del cv. Morada que poseen una mancha color púrpura en la raíz, no manifestaron alteraciones en caracteres de guía, a excepción del tipo de lóbulo y diámetro de entrenudos a nivel poblacional, pero sí en caracteres de interés agronómico como rendimiento y porcentaje en materia seca.

En el cv. Bolívar, las diferencias en caracteres de guía como pigmentación del envés, van acompañadas de otras, en cuanto a longitud de lámina de la hoja y pecíolo, diámetro y longitud de entrenudos y rendimiento en raíces.

El origen de estas variantes, puede atribuirse al efecto de mutaciones somáticas, el hecho de que Bolívar presente una mayor diferenciación entre poblaciones, puede explicarse por la acción de la deriva génica, sobre un cultivar presente hace ya más de 50 años en la zona, cuyas variantes tienen oportunidad de difundirse, ya que el cultivo se ha restringido a pequeñas superficies, en las que un pequeño número de raíces deben dar origen a la próxima cosecha.

Resultados y discusión.

En el caso de Morada, el azar se ve ayudado por la acción de la selección ejercida por los productores, que buscan este tipo de batatas ya que el color más intenso de su piel (Martí y Mitidieri, 1994), las hace más vistosas en el mercado, aunque la baja calidad de la raíz al ser cocinada, defraude al consumidor.

La aparición de estas mutaciones, ya ha sido observada por otros autores en esta especie y es considerada una dificultad para el mantenimiento de bancos de germoplasma, aunque esta fuente de variabilidad genética ha sido utilizada por mejoradores para obtener nuevos cultivares de batata (Martin, 1987)(Huamán, 1987)(Hompanera et al, 1993)(Mollinedo et al, 1991).

3.12. Conclusión

Los cultivares de batata, Morada INTA y Bolívar, presentan variabilidad genética inter e intrapoblacional para caracteres de guía y raíz. Los resultados de los análisis univariado, multivariado y de las pruebas no paramétricas, indican que cada cultivar responde a un patrón de diferenciación; Bolívar, exhibe las mayores diferencias en los caracteres de guía y Morada en los de raíz. El cv. Rojo y Blanco, por otra parte, también presenta diferencias significativas entre sus genotipos para caracteres de guía y raíz.

La variabilidad genética encontrada en los tres cultivares analizados, evidencia que el control en la producción de la batata semilla, es de gran ayuda para evitar la propagación de variantes indeseables, en este tipo de especies de propagación clonal, en efecto, se puede observar que las poblaciones originadas en el INTA, presentan baja variabilidad intrapoblacional así como los mayores rendimientos en raíces para cada cultivar.

La variabilidad existente en estos materiales podría ser utilizada para lograr un cierto progreso, pero éste sería muy limitado, si el trabajo de mejoramiento se limita a la mera selección de clones superiores. Es necesario partir de una población base, generada por la progenie del libre entrecruzamiento de los mejores clones de Morada INTA, más otras líneas de otros cultivares que le aporten caracteres que son necesarios incorporar, como la precocidad, mayor pigmentación en la piel y capacidad de almacenaje, mayor rendimiento en plantines por raíz en los almácigos y la posibilidad de responder a usos alternativos.

4. BIBLIOGRAFIA

Abrahamson, W. 1980. Demography and Vegetative Reproduction. Cap 5. Demography and Evolution in Plant Populations. University of California.

Amma, A. T. 1990. Cultivo de batata, requerimientos edáficos, nutrición mineral, fertilización. Segundo Curso Internacional sobre cultivo de batata. *Ipomoea batatas* L. INTA-CIP. San Pedro, Argentina.

Andrés, A. 1987. Variabilidad genética en poblaciones naturales de *Agropyron scabrifolium* (Doell) Parodi. Tesis de Maestría. Curso de Postgrado en Mejoramiento Genético Vegetal. INTA-UNR.

Antonovics, J. 1968 *a.* Evolution in Closely Adjacent Plant Populations. VI Manifold Effects of Gene Flow. *Heredity* 23(2):219-238.

Antonovics, J. 1968 *b.* Evolution in Closely Adjacent Plant Populations. V. Evolution of Self-Fertility. *Heredity* 23(2):507-524.

Aston, J. L. y Bradshaw, A. D. 1966. Evolution in closely adjacent plant populations. II *Agrostis stolonifera* in maritime habitats. *Heredity* 21:649-664.

Austin, D. F. 1987. The Taxonomy, Evolution and Genetic Diversity of Sweet Potatoes and Related Wild Species. Exploration, Maintenance, and Utilization of Sweet Potato Genetic Resources. First Sweet Potato Planning Conference. CIP, Lima, Perú.

Becker, W. A. 1975. Manual of quantitative genetics, Washington State University Press, Pullman, Washington, 3a ed., 170 pags.

Bianchini, P. y Boy, A. 1979. El cultivo de la batata. Folleto de Divulgación. EEA INTA San Pedro, 44 pags.

Bianchini, P. y Boy, A. 1985. Morada INTA, nuevo cultivar de batata de amplia adaptación para la zona de San Pedro. Informe Técnico 45, EEA INTA San Pedro.

Bianchini, P. y Boy, A. 1990a. Manejo del cultivo de batata en la República Argentina. Segundo Curso Internacional sobre cultivo de batata. *Ipomoea batatas* L. INTA-CIP. San Pedro, Argentina.

Bianchini, P. y Boy, A. 1990b. Material de propagación en batata. Segundo Curso Internacional sobre cultivo de batata. *Ipomoea batatas* L. INTA-CIP. San Pedro, Argentina.

Biderbost, E. B.; Di Feo, L. del V.; Brugnoli E. y Mollinedo V. A. 1991 a. Asociaciones fenotípicas entre caracteres componentes del rendimiento en plantas de batata (*Ipomoea batatas* (L) Lam) cv Morada INTA sanas y afectadas por “enanismo clorótico”. II Congreso Nacional de Fitopatología. Valdivia. Chile.

Biderbost, E. B.; Mollinedo V. A. ; Di Feo, L. del V. y López Lambertini, P. 1991 b. Evaluación del comportamiento fenotípico de la susceptibilidad o tolerancia al “Enanismo clorótico” en batata (*Ipomoea batatas* (L.) Lam). II Simposio Latinoamericano sobre Recursos Genéticos de Especies Hortícolas. XIV Congreso Argentino de Horticultura, Mar del Plata.

Boy, A. 1988. Cultivo de la batata en San Pedro. Taller sobre la problemática de la producción y uso de la batata. Santiago del Estero, 28 -29 de Junio de 1988.

Boy, A. y Bianchini, P. 1990. Calidad de la semilla de batata. Segundo Curso Internacional sobre cultivo de batata. *Ipomoea batatas* L. INTA-CIP. San Pedro, Argentina.

Bradshaw, A. D. 1984. Ecological Significance of Genetic Variation Between Populations. En: Perspectives on Plant Population Ecology, Dirzo, R. y J. Sarukhán (eds), Sinaver, U.S.A. pp: 213-228.

Bradshaw, A. D. 1972. Some of the Evolutionary Consequences of Being a Plant. *Evolutionary Biology* 5:25-47.

Briggs, D. y Walters, J. N. 1984. *Plant Variation and Evolution*. Second Edition. Cambridge.

Brown, A. H. D.; Daniels, J. y Latter, B. D. H. 1968. Quantitative Genetics of Sugarcane. I. Analysis of Variation in a Commercial Hybrid Sugarcane Population. *Theoretical and Applied Genetics*, 38:361-369.

Burton, G. W. y DeVane, E. H. 1953. Estimating Heritability in tall fescue (*Festuca arundinacea*) from Replicated Clonal Material. *Agronomy Journal*. Vol 45:478-481.

Carey, E. E.; Chujoy, E.; Dajal, T. R. ; Kidane-Mariam, H.M.; Mendoza, H. A. y Mok II-Gin. 1992. Mejoramiento de Batata para Países Clientes del CIP. CIP Circular. Vol 19, No 1.

Cátedra de Horticultura de la FAZ. Universidad Nacional de Tucumán. 1993 Reunión de Programación sobre Cultivo y Mejoramiento Genético de Batata. Córdoba, 25-26 de junio de 1993.

Ceballos, H.; Deutsch, J. A. y Gutiérrez, H. 1991. Recurrent Selection for Resistance to *Exserohilum turcicum* in Eight Subtropical Maize Populations. *Crop Sci* 31:964-971.

Bibliografía.

- Cerono, J.** 1993. Variabilidad genética e identificación varietal en *Festuca arundinacea* Schreb, cv. "El Palenque", MAG. Tesis de Maestría. Curso de Postgrado en Mejoramiento Genético Vegetal. INTA-UNR.
- Chavanne, E. R.** 1990. Variabilidad y asociaciones del rendimiento y sus componentes en una progenie híbrida mixta de caña de azúcar (*Saccharum spp.*). Tesis de Maestría. Curso de Postgrado en Mejoramiento Genético Vegetal. INTA-UNR.
- Collins, W. W.** 1977. Diallel Analysis of Sweet Potatoes for Resistance to Fusarium Wilt. *J. Amer. Soc. Hort. Sci.* 102(2):109-111.
- Collins, W. W. y Nielsen, L. W.** 1976. Fusarium Wilt Resistance in Sweet Potatoes. *Phytopathology*, Vol. 66. pags-489-493.
- Comstock, R. E.; Kelleher, T. y Morrow, E. B.** 1958. Genetic variation in an asexual species, the garden strawberry. *Genetics* 43(5) 634-646.
- Comstock, R. E. y Moll, R. H.** 1963. Genotype-Environment Interactions. En: *Statistical Genetics and Plant Breeding*. Hanson y Robinson. National Academy of Sciences, pags:164-196.
- Conover, W. J.** 1971. *Practical Non parametric Statistics*. John Wiley and Sons, Inc, 462 pags.
- Crisci, J. V.** 1983. Introducción a la teoría y práctica de la taxonomía numérica. Serie de Biología. Monografía 26. OEA, 132 pags.
- Davies, T. M. y Snaydon, R. W.** 1989. An assessment of the spaced-plant trial technique. *Heredity* 63:37-45.
- Dudley, J. W. y Moll, R. A.** 1969. Interpretation and Use of Estimates of Heritability and Genetic Variances in Plant Breeding. *Crop Science*, 9(3):257-262.
- Falconer, D. S.** 1986. *Introducción a la Genética Cuantitativa*. Compañía Editorial Continental, México, 383 pags.
- FAO.** 1987. *FAO production yearbook 1986*. Rome.
- Fehr, W.** 1987. *Principles of Cultivar Development . Vol 1. Theory and Technique*. Mac Graw-Hill, Inc. 536 pags.
- Fernández, F.** 1996. Comunicación personal. INTA Agencia de Extensión Rural. Santiago del Estero.
- Fischer, R. A. y Kertesz, Z.** 1976. Harvest Index in Spaced Populations and Grain Weight in Microplots as Indicators of Yielding Ability in Spring Wheat. *Crop Science*, Vol.16:55-59.

- Folquer, F.** 1978. La batata (camote). Estudio de la planta y su producción comercial. Editorial Hemisferio Sur. Bs. As. 145 pags.
- Fresa, R. y Fortugno, C.** 1966. "Podredumbre del pie" de la batata (*Plenodomus destruens* Harter). Revista de Investigaciones Agropecuarias, INTA, Serie 5, Patología Vegetal, Vol III, No.6:48-58.
- Gnoatto, I.L., Vicentino, B. y Grigolatto, M. M.** 1993. Caracterización morfológica del Banco Activo de Germoplasma de Batata (*Ipomoea batatas* (L.) Lam) conducido en la EEA El Colorado (Formosa). Reunión de Programación sobre Cultivo y Mejoramiento Genético de Batata. Córdoba, 25-26 de junio de 1993.
- Gómez y Nakama.** 1991. Carta básica detallada de suelos de la Estación Experimental Agropecuaria San Pedro. INTA Castelar. Centro de Investigaciones de Recursos Naturales. Instituto de Suelos.
- González, J.** 1989. Componentes físicos del suelo. Labranzas. Primer Curso Internacional sobre cultivo de batata. *Ipomoea batatas* L. INTA-CIP. San Pedro, Argentina.
- Hahn, S. K.** 1977. A Quantitative Approach to Source Potentials and Sink Capacities Among Reciprocal Grafts of Sweet Potato Varieties. Crop Science, Vol. 17:559-562.
- Hahn, S. K.; Terry, E. R. y Leuschner, K.** 1981. Resistance of Sweet Potato to Virus Complex. Hort Science 16(4):535-537.
- Hedrick, P. W.** 1983. Genetics of populations. Science Books International, Boston. Van Nostrand Reinhold Co., N. York.
- Hedrick, P. W.; Ginevan, M. E. y Ewing, E. P.** 1976. Genetic polymorphism in heterogeneous environments. Annu. Rev. Ecol. Syst. 7, 1-32..
- Helgadóttir, A. y Snaydon, R. W.** 1986. Patterns of Genetic Variation among Populations of *Poa pratensis* L. and *Agrostis capillaris* L. from Britain and Ireland. Journal of Applied Ecology 23:703-719.
- Hogarth, D. M.** 1971. Quantitative Inheritance Studies in SugarCane I. Estimation of variance Components. Aust. J. Agric. Res. No. 22:93-102.
- Hompanera, N. R.; Piterbarg, B. y Boy A.** 1993. Variabilidad del Germoplasma de la batata cultivada (*Ipomoea batatas* (L.) Lam) en Argentina. Revista de Investigaciones Agropecuarias. Vol. 24 (1):101-113.
- Horton, D. E.** 1987. World Patterns and Trends in Sweet Potato Production and Use. Exploration, Maintenance, and Utilization of Sweet Potato Genetic Resources. First Sweet Potato Planning Conference. CIP, Lima, Perú.

Bibliografía.

Huamán, Z. 1987. Current Status on the Maintenance of Sweet Potato Genetic Resources at CIP. Exploration, Maintenance, and Utilization of Sweet Potato Genetic Resources. First Sweet Potato Planning Conference. CIP, Lima, Perú.

Huamán, Z. 1987. Descriptors for the Characterization and Evaluation of Sweet Potato Genetic Resources. *En:* Exploration, Maintenance, and Utilization of Sweet Potato Genetic Resources. First Sweet Potato Planning Conference. CIP, Lima, Perú.

Huamán, Z. y De La Puente, F. 1988. Desarrollo de un banco de genes de batata. Cip Circular, Vol. 16. No.2, pags 1-7.

Huamán, Z. (1990) Identificación morfológica de Duplicados en colecciones de *Ipomoea batatas*. Guía de Investigación. CIP 036.

IFFIVE. 1993. Resumen de actividades desarrolladas y en ejecución en el Instituto de Fitopatología y Fisiología Vegetal (IFFIVE) INTA. Reunión de Programación sobre el Cultivo y Mejoramiento Genético de batata. Córdoba. Argentina.

Italia, R. R. 1996. Comunicación personal. INTA. Agencia de Extensión Rural Jesús María. Córdoba.

Iman, A. G. y Allard, R. W. 1965. Population Studies in Predominantly Self Pollinated Species. VI. Genetic Variability Between and Within Natural Populations of Wild Oats from Differing Habitats in California. Genetics. 51:49-62.

Instituto de Fitovirología (IFFIVE) INTA . 1993 Reunión de Programación sobre Cultivo y Mejoramiento Genético de Batata. Córdoba, 25-26 de junio de 1993.

Jain, S. K. y Bradshaw, A. D. 1967. Evolutionary divergence among adjacent plant populations. I. The evidence and its theoretical analyses. Heredity 21(3):407-441.

Jain, S. K. y Rai, N. 1974. Population Biology of Avena. IV. Polymorphism in small populations of *Avena fatua*. Theoret. Appl. Genet. 44:7-11.

Jones, A. 1969 a. Quantitative Inheritance of Ten Vine Traits in Sweetpotatoes. J. Amer. Soc Hort Sci. 94(4):408-411.

Jones, A. 1969 b. Quantitative Inheritance of Ten Root Traits in Sweetpotatoes. J. Amer. Soc Hort Sci. 94(4):271-275.

Jones, A. 1969 c. Quantitative Inheritance of Fusarium Wilt Resistance in Sweetpotatoes. J. Amer. Soc Hort Sci. 94(4):207-208.

- Jones, A.** 1970. Phenotypic, Genotypic and Environmental Correlations in Sweet Potatoes. *J. Amer. Soc. Hort. Sci.* 95(3):326-330.
- Jones, A.** 1972 *a*. Sweetpotato Population Changes During Six Random Crossing Generations. *J. Amer. Soc. Hort. Sci.* 97 (1):102-107.
- Jones, A.; Hamilton, M. G. y Dukes, P. D.** 1976 *a*. Heritability Estimates for Fiber Content, Root Weight, Shape, Cracking and Sprouting in Sweet Potato. *J. Amer. Soc.* 103(3):374-376.
- Jones, A.; Dukes, P. D. y Cuthbert, Jr., F. P.** 1976 *b* Mass Selection in Sweet Potato: Breeding for Resistance to Insects and Diseases and for Horticultural Characteristics. *J. Amer. Soc. Hort. Sci.* 101(6):701-704.
- Jones, A.** 1977. Heritabilities of Seven Sweet Potato Root Traits. *J. Amer. Soc. Hort. Sci.* 102(4):440-442.
- Jones, A. y Dukes, P. D.** 1980. Heritabilities of Sweet Potato Resistances to Root knot Caused by *Meloidogyne incognita* and *M. javanica*. *J. Amer. Soc. Hort. Sci.* 105(2):154-156.
- Jones, A.** 1986. Sweet Potato Heritability Estimates and Their Use in Breeding. *Hort Science*, Vol 21(1):14-17.
- Jones, A. et al.** 1987 Principles of cultivar development. Vol 2. Crop Species. W. R. Fehr (Ed) IOWA State University.
- Jones, A.** 1987. Strategies in Sweet Potato Breeding. Exploration, Maintenance, and Utilization of Sweet Potato Genetic Resources. First Sweet Potato Planning Conference. CIP, Lima, Perú.
- Kang, M. S., Miller, J. D. y Tai, P. Y. P.** 1983. Genetic and Phenotypic Path Analysis and Heritability in Sugarcane. *Crop Science*, Vol. 23:643-647.
- Kneebone, W. R.** 1958. Heritabilities in sand Bluestem (*Andropogon hali* Hack) as estimated from Parental Clones and Their Open-pollination Progenies. *Agronomy J.* (50):459-461.
- Leath, S. y Pedersen, W. L.** 1986. Differences in Resistance Between Maize Hybrids With or Without the Ht₁ Gene When Infected With *Exserohilum turcicum* race Z. *Phytopathology* 76:257-260.
- Levins, R.** 1968. Evolution in Changing Environments (eds.). Princeton University Press, Princeton.
- Lewis, J. P. y Torres P. S.** 1992. Análisis multivariado. Introducción y su aplicación a la biología y ecología. Universidad Nacional de Rosario.
- Libby, W. J. y Jund, E.** 1962. Variance associated with cloning. *Heredity* 17:533-540.

Bibliografía.

- Lin, Y. H.** 1988. Trypsin inhibitor activities as useful taxonomic traits of sweet potato varieties. *Euphytica* 38:39-47.
- Lindsey, M. F.; Lonquist, J. H. y Gardner, C. O.** 1958. Estimates of Genetic Variance in Open-Pollinated Varieties of Cornbelt Corn. *Agronomy J.* (50):126-31.
- Lopez Frasca, A. B.** 1991. Evaluación de la variabilidad en poblaciones naturales de *Sporobolus indicus* (L) M. Brown. Tesis de Maestría. Curso de Postgrado en Mejoramiento Genético Vegetal. INTA-UNR.
- Mariotti, J. A.** 1971. Estimaciones de "Heredabilidad" en parcelas Clonales en cinco poblaciones híbridas de Caña de azúcar. *Rev. Agron. Noroeste Argentino.* 8(3-4):373-389.
- Mariotti, J. A.** 1986. Fundamentos de Genética Biométrica. Aplicaciones al Mejoramiento Genético Vegetal. OEA. Washington, D.C. 152 pags.
- Mariscal, A. M. y Carpena, A. L.** 1988. Genetic Variation in a Wide Gene Base Population of Sweet Potato. *Ann. Trop. Res.* 10(2):74-84.
- Martí, H. y Mitidieri, M.** 1994. Caracterización de clones de batata (*Ipomoea batatas* (L.) Lam) por color de piel y pulpa. *Rivista di Agricoltura Subtropicale e Tropicale.* Vol 88(4):609-619.
- Martin, F. W. y Jones, A.** 1971. Flowering and Fertility Changes in Six Generations of Open Pollinated Sweetpotatoes. *J. Amer. Soc. Hort. Sci.* 96(4):493-495.
- Martin, F. W.** 1987. Preservation of Sweet Potato Germplasm as Population. Exploration, Maintenance, and Utilization of Sweet Potato Genetic Resources. First Sweet Potato Planning Conference. CIP, Lima, Perú.
- Martin, F. W.** 1988. Planting dates and morphology and growth of four sweet potato clones in Puerto Rico. *J. Agric. Univ. P. R.* Vol. 72, No. 3:437-444.
- Miller, P. A.; Williams, Jr. J. C.; Robinson, H. F. y Comstock, R. E.** 1958. Estimates of Genotypic and Environmental Variances and Covariances in Upland Cotton and Their Implications in Selection. *Agronomy J.*(50):126-31.
- Miranda, J. E. C.** 1989. Princesa: Cultivar de batata-doce resistente ao "mal do pé". (*Plenodomus destruens* Harter). *Revista da Sociedade de Olericultura do Brasil.* Volume 7(1), pag. 65.
- Mitidieri, A. y Bianchini, P. R.** 1968. Evaluación preliminar de tratamientos para el control de la "peste negra" y "Raíz rosada de la batata". *IDIA,* 248:45-70.
- Mitidieri, A. y Bianchini, P. R.** 1969. Evaluación de fungicidas para el control de la "Peste negra" (*Plenodomus destruens*) en plantines de batata. Informe Técnico No.7. EEA INTA San Pedro.

- Mitidieri, I. Z. de.** 1973. Enfermedades criptogámicas nuevas o poco difundidas en la Argentina. IDIA No. 301:9-12.
- Mitidieri, I. Z. de.** 1989. Enfermedades de la batata. Primer Curso Internacional sobre cultivo de batata. *Ipomoea batatas* L. INTA-CIP. San Pedro, Argentina.
- Mitidieri, I. Z. de y Scandiani, M.** 1991. Prospección fitopatológica en almácigos de batata en al provincia de Buenos Aires. Informe INTA-CIP.
- Mollinedo, V. ; Biderbost, E.; Di Feo, L. y López Lambertini, P.** 1991. Análisis de variabilidad y determinación de parámetros genéticos para caracteres componentes de la producción en la cv. Morada INTA de batata (*Ipomoea batatas* (L.) Lam). II Simposio Latinoamericano sobre Recursos Genéticos de Especies Hortícolas. XIV Congreso Argentino de Horticultura, Mar del Plata.
- Montaldo, A.** 1991. Cultivo de Raíces y Tubérculos Tropicales. Servicio Editorial IICA, pags, 230-293.
- Morley, F. H. W.** 1963. Discussion: Statistics and Plant Selection. En: Statistical Genetics and Plant Breeding. Hanson y Robinson. National Academy of Sciences, pags:218-220.
- Newell, L. C. y Eberhart, S. A.** 1961. Clone and Progeny Evaluation in the Improvement of Switchgrass, *Panicum virgatum* L. Crop science 1:117-121.
- Nishiyama, I. y Teramura, T.** 1962. Mexican Wild Forms of Sweet Potato. Econ. Bot. 16:304-314.
- Ordóñez, R. C.** 1989. Importancia nutricional, calidad culinaria, usos de la batata. Primer Curso Internacional sobre cultivo de batata. *Ipomoea batatas* L. INTA-CIP. San Pedro, Argentina.
- Ordóñez, R. C.** 1990. Importancia nutricional, calidad culinaria, usos de la batata. Segundo Curso Internacional sobre cultivo de batata. *Ipomoea batatas* L. INTA-CIP. San Pedro, Argentina.
- Pesek, J. y Baker, R. J.** 1971. Comparison of Predicted and Observed Responses to Selection for Yield in Wheat. Canadian Journal of Plant Science. 51:187-192.
- Ploper, J.** (1988) Taller sobre la problemática de la producción y uso de la batata. Santiago del Estero, 28 - 29 de Junio de 1988.
- Ploper, J y Brandán, E. Z.** 1996. Estudios de floración y fructificación de cultivares y líneas de batata (*Ipomoea batatas* L. Lam) con diferentes sistemas de manejo en clima subtropical. XIX Congreso Argentino de Horticultura. San Juan, Septiembre de 1996.
- Pope, D. T.; Kushman, L. J. y Monroe, R. J.** 1970. Consistency of Intercellular Space in four Sweet Potato Cultivars at Harvest. J. Amer. Soc. Hort. Sci. 95(4):508-509.

Bibliografía.

- Primack, R. B. y Kang, H.** 1989. Measuring fitness and Natural Selection in wild Plant populations. *Annu. Rev. Ecol. Syst.* 20:367-396.
- Reula, J. A. y Villanova, J.** (1988) Taller sobre la problemática de la producción y uso de la batata. Santiago del Estero, 28 -29 de Junio de 1988.
- Robinson, P.** 1963. Heritability: A Second Look. En: *Statistical Genetics and Plant Breeding.* Hanson y Robinson. National Academy of Sciences, pags:609-614.
- Sakamoto, S.** 1987. Report on the Scope of Sweet Potato Collection Maintained in Japan. Exploration, Maintenance, and Utilization of Sweet Potato Genetic Resources. First Sweet Potato Planning Conference. CIP, Lima, Perú.
- Schaal, B. A.** 1975. Population structure and local differentiation in *Liatris cylindracea*. *Amer. Nat.* 109:511-528.
- Schemske, D. W.** 1984. Population Structure and Local Selection in *Impatiens pallida* (Balsaminaceae), a Selfing Annual. *Evolution*, 38(4), pags: 817-832.
- Scossiroli, R. E.; Ferrari, A. y Haussmann, G.** 1963. Genetic Variability for Quantitative Caracteres in Alfalfa. En: *Statistical Genetics and Plant Breeding.* Hanson y Robinson. National Academy of Sciences, pags:597-614.
- Shapiro, S. S. y Hahn, G. J.** 1967. *Statistical Models in Engineering.* J.W.E. Sons, Inc. N. York, 355 pags.
- Singh, M.; Ceccarelli, S. y Hamblin, J.** 1993. Estimation of heritability from varietal trials data. *Theor. Appl. Genet.* 86:437-441.
- Solbrig, O. T. y Simpson, B. B.** 1974. Components of regulation of a population of dandelions in Michigan. *J. Ecol.* 62,473-486.
- Sokal, R. y Rohlf, J.** 1980. *Introducción a la bioestadística.* Versión Española por Joaquina Cabarón. Editorial Reverté s.a. Barcelona, 362 pags.
- Soulé, M.** 1973. The epistasis cycle: a theory of marginal populations. *Annu. Rev. Ecol. Syst.* 4:165-187.
- Snaydon, R. W.** 1978. Genetic changes in pasture populations. En: Wilson, J. R. (Ed.) *Plant Relations in Pastures*, pags:253-269. CSIRO, Melbourne.
- Snaydon, R. W.** 1987. Population responses to environmental disturbance.), En: *Disturbance in Grasslands* .J van Andel et al., (eds). ISBN. 90-6193-640-3. Dr. W. Junk Publishers, Dordrecht. Netherlands.

- Snaydon, R. W. y Davies, T. M.** 1982. Rapid divergence of Plant Populations in Response to Recent Changes in Soil Conditions. *Evolution*, 36(2), pp 289-297.
- Snedecor, G. W. y Cochran, W. G.** 1968. *Statistical Methods*. Iowa State University Press Ames, Iowa, USA. 593 pags.
- Soil Survey Staff.** 1975. Soil Conservation Service. US Department of Agriculture. Agriculture Handbook N° 436. Soil Taxonomy. A basic system of soil classification for making and interpreting soil surveys.
- Takagi, H.** 1987. Sweet Potato Collections in Papua New Guinea. Exploration, Maintenance, and Utilization of Sweet Potato Genetic Resources. First Sweet Potato Planning Conference. CIP, Lima, Perú.
- Takagi, H. y Opeña, R. T.** 1987. Sweet Potato Breeding at AVRDC to Overcome production Constraints and Use in Asia. Exploration, Maintenance, and Utilization of Sweet Potato Genetic Resources. First Sweet Potato Planning Conference. CIP, Lima, Perú.
- Tártara, E. J., Burba, J. L. y Coirini, R.** 1988 La importancia del cultivo de la batata en la República Argentina. Taller sobre la problemática de la producción y uso de la batata. Santiago del Estero, 28 -29 de Junio de 1988.
- Tooley, P. W. y Grau, C. R.** 1984. Field Characterization of Rate-Reducing Resistance to *Phytophthora megasperma* f sp. *glycinea* in Soybean. *Phytopathology* 74(10):1201-1208.
- Traverso, J. E.** 1985. Variabilidad en *Bromus auleticus*. Tesis de Maestría. Curso Postgrado Mejoramiento Genético Vegetal. INTA-UNR.
- Uviedo, R. H.** 1991. Informes Mensuales de la Estación Meteorológica. EEA INTA San Pedro.
- Van Noordwijk.** 1990. The Methods of Genetical Ecology Applied to the Study of Evolutionary Change. En: Population Biology. Ecological and Evolutionary Viewpoints. K. Wöhrmann, S. K. Jain (eds). Springer-Verlag, Berlin, Heidelberg.
- Van Valen, L.** 1965. Selection in natural populations. III. Measurements and estimation. *Evolution*, 19:514-528.
- Vargas, G. S. y Luciani, J. F.** 1989. Heredabilidad en sentido amplio de algunos caracteres del follaje y de la raíz tuberosa de batata (*Ipomoea batatas* (L.) Lam). Alcance 38. Rev. Fac. Agron. (Maracay), pags 15-27.
- Vicentino, B. y Gnoatto, I. L.** 1993 Introducción, Obtención y Evaluación de Nuevos Cultivares de Batata para la zona de Chaco-Formosa. Reunión Programación sobre Cultivo y Mejoramiento Genético de Batata. Córdoba, 25-26 de Junio de 1993.

Bibliografía.

Villagarcía, M. 1990. Ecología y fisiología del cultivo de batata. Segundo Curso Internacional sobre cultivo de batata. *Ipomoea batatas* L. INTA-CIP. San Pedro, Argentina.

Vogel, K. P.; Gorz, H. J. y Haskins, F. A. 1981. Heritability Estimates for Height, Color, Erectness, Leafiness and Vigor in Indiangrass. *Crop Science*, Vol. 21:734-736.

Wricke, G. y Weber, W. E. 1986. Quantitative Genetics and Selection in Plant Breeding. Walter de Gruyter, New York, 401 pags.

Wright, S. 1951. The genetic structure of populations. *Ann. Eugen.* 15,323-354.