



# RESPUESTA DE 20 GENOTIPOS DE PAPA (*Solanum tuberosum* Grupo Tuberosum) FRENTE AL COMPLEJO PUNTA MORADA

*Response Of 20 Potato Genotypes (Solanum Tuberosum, Tuberosum Group) To The Punta Morada Complex*

**Carolina Martínez Moncayo<sup>1</sup>**

 <https://orcid.org/0000-0001-5336-1510>

 [caromar88@gmail.com](mailto:caromar88@gmail.com)

**Josue Esleyder Cuaran Rodríguez<sup>2</sup>**

 <https://orcid.org/0009-0007-0345-0604>

 [jecuaran97@udenar.edu.co](mailto:jecuaran97@udenar.edu.co)

<sup>1</sup>Ing. Agr., IM.Sc., Ph.D. Centro de Investigación y Desarrollo Tecnológico en Ciencias Aplicadas – CIDTCA, Grupo de Investigación y Desarrollo Tecnológico en Ciencias Aplicadas – GIDTCA, Calle 11 No. 37-05, 520002, Pasto, Nariño, Colombia

<sup>2</sup>Ing. Agr, Facultad de Ciencias Agrícolas, Universidad de Nariño (UDENAR), Grupo de Investigación en Producción de Frutales Andinos, Ciudadela Universitaria Torobajo, 520008, Pasto, Nariño, Colombia

**David Esteban Duarte Alvarado<sup>3</sup>**

 <https://orcid.org/0000-0002-8896-3594>

 [deduarte@unal.edu.co](mailto:deduarte@unal.edu.co)

**Tulio Cesar Lagos Burbano<sup>4</sup>**

 <https://orcid.org/0000-0001-9222-4674>

 [tlagos3@gmail.com](mailto:tlagos3@gmail.com)

<sup>3</sup>Ing. Agr., IM.Sc. Facultad de Ciencias Agrícolas, Universidad de Nariño (UDENAR), Grupo de Investigación en Producción de Frutales Andinos, Ciudadela Universitaria Torobajo, 520008, Pasto, Nariño, Colombia

<sup>4</sup>Ing. Agr., IM.Sc., Ph.D. Facultad de Ciencias Agrícolas, Universidad de Nariño (UDENAR), Grupo de Investigación en Producción de Frutales Andinos, Ciudadela Universitaria Torobajo, 520008, Pasto, Nariño, Colombia

## RESUMEN

La Punta Morada de la Papa (PMP), asociada a Candidatus Phytoplasma spp. y Candidatus Liberibacter solanacearum, representa una limitante para la productividad del cultivo en regiones altoandinas. El presente estudio evaluó la respuesta agronómica de un conjunto de genotipos de papa tipo guata bajo condiciones de presión natural de la enfermedad, con el objetivo de identificar materiales con menor progresión de síntomas y desempeño productivo favorable. Se empleó un diseño de bloques aumentado, incluyendo testigos comerciales, y se analizaron variables productivas por categorías comerciales, vigor vegetativo y el área bajo la curva de progreso de la enfermedad (AUDPC). El análisis de varianza mostró diferencias significativas entre tratamientos únicamente para AUDPC, mientras que los componentes de rendimiento y vigor no presentaron diferencias estadísticas. Sin embargo, los genotipos Guata 07, Guata 15, Guata 23, Guata 55 y Guata 77 se destacaron, combinando valores relativamente bajos de AUDPC con altos rendimientos de tubérculos de primera categoría, d. Los resultados evidencian una amplia variabilidad en la respuesta de los materiales evaluados frente al complejo PMP, que permite identificar materiales promisorios para evaluaciones posteriores en múltiples ambientes, orientadas a confirmar la estabilidad de su comportamiento productivo y sanitario.

## PALABRAS CLAVES:

Fitoplasmas,  
Liberibacter,  
Rendimiento, Variabilidad  
Genética. Tesauro:  
Agrovoc (Fao)

## CÓMO CITAR:

Fecha recepción: 13 de Febrero de 2026 / Fecha Aprobación: 20 de Marzo 2026 / Fecha Publicación: 1 de Junio 2026

Martínez Moncayo, C., Cuaran Rodríguez, J. E., Duarte Alvarado, D. E. & Lagos Burbano, T. C. (2026). *Respuesta De 20 Genotipos De Papa (Solanum Tuberosum Grupo Tuberosum) Frente Al Complejo Punta Morada*. Revista Facultad de Ciencias Agropecuarias -FAGROPEC, 18(1), 99-117. <https://doi.org/10.47847/fagropec.v18n1a6>



Este artículo puede compartirse bajo la Licencia Creative Commons (CC BY 4.0).

## ABSTRACT

Potato Purple Top (PPT), associated with *Candidatus Phytoplasma* spp. and *Candidatus Liberibacter solanacearum*, represents a major constraint on potato productivity in high-Andean regions. The present study evaluated the agronomic response of a set of tetraploid potato genotypes under natural disease pressure conditions, with the objective of identifying materials with reduced symptom progression and favorable yield performance. An augmented block design was used, including commercial checks, and productive traits were analyzed by commercial grade categories, vegetative vigor, and the area under the disease progress curve (AUDPC). Analysis of variance revealed significant differences among treatments only for AUDPC, whereas yield components and vegetative vigor did not show statistically significant differences. However, several genotypes combined relatively low AUDPC values with high yields of first-grade tubers, particularly Guata 07, Guata 15, Guata 23, Guata 55, and Guata 77. The results demonstrate substantial variability in genotype responses to the PPT complex and allowed the identification of promising materials for further multi-environment evaluations aimed at confirming the stability of their agronomic performance and disease response.

## KEYWORDS

Phytoplasmas,  
Liberibacter, Yield,  
Genetic Variability.  
Thesaurus: Agrovoc  
(Fao).

## INTRODUCCIÓN

La papa cultivada (*Solanum tuberosum* L.) es actualmente el tercer cultivo alimentario básico más importante del mundo y, junto con el trigo, el arroz y el maíz, es responsable del 80% del consumo calórico de la humanidad (Zhang et al., 2025). En relación con otros cultivos agrícolas, la papa presenta menores requerimientos para su producción, puede cultivarse en zonas de mayor altitud y demanda menos insumos que otras hortalizas, registrando para 2019, cosechas provenientes de más de 17 millones de hectáreas dedicadas a su cultivo a nivel mundial (Křížková et al., 2022).

En Colombia, la papa es un cultivo de gran importancia y se cosechan cerca de 2.625.000 toneladas en 125.000 ha, generando cerca de 264.000 empleos directos e indirectos, proporcionando ingresos a alrededor de 100.000 familias. La producción se concentra principalmente en las regiones de Cundinamarca, Boyacá, Nariño y Antioquia, que en conjunto representan el 90% de la producción nacional (Franco-Lara et al., 2023).

La papa presenta un amplio acervogenético compuesto por especies silvestres y cultivadas, donde la variabilidad de caracteres de las especies silvestres incluye tolerancia y resistencia a diferentes tipos de estrés biótico y abiótico, considerándose importante, ya que ha permitido y continuará permitiendo mejorar las variedades comerciales desde el punto de vista nutricional, agronómico, industrial y farmacéutico, constituyendo además una fuente genética relevante para enfrentar problemáticas climáticas y sanitarias (Gafforov et al., 2024; Tiwari et al., 2019; Soto et al., 2013).

La papa, al igual que otras solanáceas, enfrenta numerosos problemas fitosanitarios limitantes, incluyendo hongos, bacterias, virus, fitoplasmas e insectos vectores que afectan la producción, calidad de las cosechas y biodiversidad, con implicaciones en la seguridad alimentaria (Castillo Carrillo et al., 2018). Estas enfermedades comprometen significativamente su rendimiento, dando lugar a pérdidas económicas para los agricultores en diversas regiones del mundo (Wang & Su, 2024).

Entre las principales enfermedades que afectan actualmente a este cultivo en países como Estados Unidos, México o Nueva Zelanda, se encuentra el complejo Punta Morada de la Papa (PMP) y Zebra Chip (ZC), propagada por semillas y por el psílido de la papa comúnmente llamado "Paratrioza" (*Bactericera cockerelli*), el cual es vector de los patógenos *Ca. Phytoplasma* spp. y *Ca. L. Solanacearum*, causantes de la enfermedad (Castillo et al., 2022; Caicedo et al., 2015, 2020; Munyaneza, 2012). No obstante, en otras regiones productoras, como Colombia y Ecuador, su presencia ha sido reportada más recientemente, por lo que se consideran problemas fitosanitarios emergentes (Franco-Lara et al., 2023; Castillo Carrillo et al., 2018).

Los principales síntomas de la PMP incluyen coloración púrpura y amarillenta en los folíolos superiores, que tienden a erguirse y enrollarse, formación de tubérculos aéreos, una proliferación anormal de yemas axilares, escoba de bruja y filodia, reducción del crecimiento de la planta, clorosis, engrosamiento de los nudos, acortamiento de los

entrenados, aborto floral, crecimiento del tallo en forma de zigzag, necrosis del sistema vascular, una disminución significativa del rendimiento evidenciada por la ausencia de tubérculos o por la producción de numerosos tubérculos pequeños y de baja calidad, coloración púrpura del tejido vascular y necrosis en los tubérculos, causando grandes pérdidas económicas (Giaccaglia et al., 2024; Gutiérrez-Ibáñez et al., 2013; V. Mora et al., 2022; Nasir et al., 2007).

Se ha reportado que el complejo PMP ha alcanzado una incidencia de hasta el 80% en cultivos comerciales, con pérdidas de hasta el 50% (Castillo et al., 2018). En Colombia, se ha confirmado la presencia de *B. cockerelli* y *Ca. phytoplasma* spp en el departamento de Nariño (ICA, 2021), siendo estos departamentos determinantes en la participación de la producción nacional de papa y donde el cultivo está ligado a la cultura y economía campesina. Por lo anterior, la relevancia de evaluar y seleccionar la biodiversidad de una especie a frente a problemas que disminuyen la calidad y ponen en riesgo la producción, radica no solo en la preservación de este acervo genético, sino también en la caracterización exhaustiva de cada accesión. Esta caracterización incluye análisis biológicos, agronómicos, morfológicos y moleculares que permiten identificar fuentes de tolerancia o resistencia útiles para los programas de mejoramiento genético (J. A. Berdugo-Cely et al., 2021; J. Berdugo-Cely et al., 2017; Lado et al., 2017).

En este contexto, la evaluación fitosanitaria de colecciones de papa se ha utilizado ampliamente para caracterizar su respuesta frente a distintos patógenos y apoyar los procesos de selección en programas de mejoramiento genético. Estas evaluaciones integran variables agronómicas, morfológicas y sanitarias relacionadas con el desarrollo vegetativo, la aparición y progresión de síntomas, así como la producción y calidad de los tubérculos, lo que permite analizar la variabilidad existente entre genotipos y establecer criterios de selección. En este sentido, diversos estudios han aplicado enfoques experimentales para identificar patrones de respuesta diferencial y agrupar materiales según su comportamiento sanitario y productivo, lo que facilita el análisis conjunto de múltiples variables y la identificación de genotipos promisorios en programas de mejoramiento (Cuesta et al., 2020; Parga et al., 2011; Estrada, 1999). En el cultivo de la papa, se han realizado evaluaciones sanitarias para determinar el comportamiento del germoplasma frente a diversos agentes bióticos asociados a enfermedades del cultivo, entre ellos fitoplasmas (Maramorosch, 1998; Parga et al., 2011), virus (Salazar, 1995), hongos (Garza, 1999), bacterias como *Ca. L. Solanacearum* (Hansen et al., 2008) y oomicetos como *Phytophthora infestans*, (Diaz et al., 2018; Gebhardt, 2013; Kou y Wang, 2010). Estas evaluaciones, han permitido identificar mediante el análisis de variables de severidad de la enfermedad y rendimiento, parentales tolerantes o resistentes, promisorios para la obtención de genotipos mejorados. Para el caso puntual del complejo PMP, la evaluación de 214 genotipos de papa bajo condiciones sin control del vector en México, permitió identificar materiales con menor incidencia de síntomas y manchado interno en los tubérculos, evidenciando la utilidad de este tipo de evaluaciones en el desarrollo de materiales con capacidad de afrontar enfermedades limitantes en el cultivo (Parga et al., 2011).

Por lo anterior, el objetivo del presente estudio fue evaluar la respuesta agronómica y sanitaria de 20 genotipos de papa guata nativa (*S. tuberosum* Grupo *Tuberosum*), conservadas dentro de la colección de trabajo de la Universidad de Nariño, frente al complejo PMP en zonas con presencia de la enfermedad, con el propósito de identificar genotipos con potencial agronómico para ser utilizados como parentales en futuros programas de mejoramiento genético, orientados a la mitigación de la enfermedad y a la reducción de las pérdidas económicas y de biodiversidad asociadas a su cultivo.

## MATERIALES Y METODOS

### Localización

El ensayo de campo se estableció en marzo de 2025 en el corregimiento de Cabrera, municipio de Pasto, departamento de Nariño, Colombia, ubicado a 1° 12' 56,3" LN y 77° 12' 43,8" LO, a una altitud aproximada de 2.820 msnm, en un predio donde se identificó la presencia de síntomas de la enfermedad y el insecto vector.

### Material vegetal

Se evaluaron 20 accesiones del grupo de papas guatas nativas y comerciales conservadas dentro de la colección de trabajo de papa de la Universidad de Nariño y cuatro testigos comerciales. Las accesiones clonales se describen en la Tabla 1.

**Tabla 1.**

*Datos de pasaporte de accesiones Clonales de criollas de la colección de trabajo de papa (*S. tuberosum*) de la Universidad de Nariño.*

Cod. de accesión	Nombre común	País	Municipio.	Altitud (msnm)	Donante
UdenarStGua07	Betina	Colombia	Cumbal	3.090	Maximil Quilisma
UdenarStGua09	Leona	Colombia	Cumbal	3.090	Maximil Quilisma
UdenarStGua12	Brasilera M4	Colombia	Cumbal	3.090	Maximil Quilisma
UdenarStGua15	Guata uva	Colombia	Cumbal	3.090	Maximil Quilisma
UdenarStGua18	Única	Colombia	Córdoba	2.897	Sigifredo Cuarán
UdenarStGua22	Guata 23	Colombia	Córdoba	2.897	Sigifredo Cuarán
UdenarStGua23	Chola Surco 25	Colombia	Tulcán	3.090	Maximil Quilisma
UdenarStGua25	Chola	Ecuador	Tulcán	3.090	Maximil Quilisma
UdenarStGua27	Nevada M6	Colombia	Cumbal	3.090	Maximil Quilisma
UdenarStGua28	Pamba lisa	Colombia	Cumbal	3.090	Maximil Quilisma
UdenarStGua29	Parda pastusa	Colombia	Cumbal	3.090	Maximil Quilisma
UdenarStGua30	Roja Nariño M1	Colombia	Pasto	2.806	Silvio Gelpud
UdenarStGua51	Sabanera	Colombia	Pasto	2.713	Silvio Gelpud
UdenarStGua55	CIP 377744.1	Perú	—	—	CIP

UdenarStGua58	CIP 387164.4	Perú	—	—	CIP
UdenarStGua59	CIP 389746.2	Perú	—	—	CIP
UdenarStGua77	CIP 393371.164	Perú	—	—	CIP
UdenarStGua85	CIP 395438.1	Perú	—	—	CIP
UdenarStGua94	CIP 398190.404	Perú	—	—	CIP
UdenarStGua99	CIP 399053.15	Perú	—	—	CIP

### *Diseño experimental*

Los ensayos se condujeron bajo un Diseño de Bloques Aumentados (DBA), conforme a la metodología propuesta por Federer (1961), la cual permite evaluar un número elevado de tratamientos con limitada disponibilidad de material experimental para su replicación. El experimento estuvo conformado por cuatro bloques, con cinco tratamientos (accesiones) por bloque y cuatro testigos comerciales repetidos en cada bloque. Cada unidad experimental estuvo constituida por 10 plantas, establecidas a una distancia de 20 cm entre plantas y 90 cm entre surcos.

### *Manejo agronómico*

Entre el período de emergencia y previo al inicio de la floración, a los 60 días después de la siembra no se realizó aplicaciones de insecticidas al follaje ni al suelo, con el fin de permitir la expresión natural de la sintomatología asociada al complejo PMP y evitar interferencias en la respuesta de los tratamientos. Como medida fitosanitaria complementaria, se establecieron franjas de plantas de papa a una distancia aproximada de 50 m alrededor del lote experimental, las cuales funcionaron como plantas trampa para la atracción y concentración de insectos vectores. En estas franjas se realizaron aplicaciones semanales de insecticidas comerciales, alternando mecanismos de acción de los productos y siguiendo las recomendaciones técnicas para bloquear la migración de insectos desde la parcela experimental a cultivos (Munyaneza, 2012) a new and economically important disease of potato (*Solanum tuberosum* L.. Adicionalmente, tanto en el lote experimental como en las franjas trampa, se realizaron aplicaciones semanales con fungicidas recomendados para el control de tizón tardío (*P. infestans*) (Cáceres et al., 2007).

Al finalizar el ensayo, los tubérculos cosechados se destinaron únicamente a consumo familiar, alimentación animal y pruebas de fritura, y en ningún caso se utilizaron como semilla. rastrojo proveniente de los reservorios y del lote experimental fue tratado mediante una aplicación postcosecha de insecticidas en mezcla y un herbicida, con el fin de garantizar la eliminación de vectores y material vegetal remanente actúa como reservorio de los patógenos asociados al complejo PMP. Para esto, se empleó Imidacloprid a una dosis de 70 g i.a./ha y Abamectina a 18 g i.a./ha. El glifosato se aplicó a una dosis de 1.080 g a.e./ha.

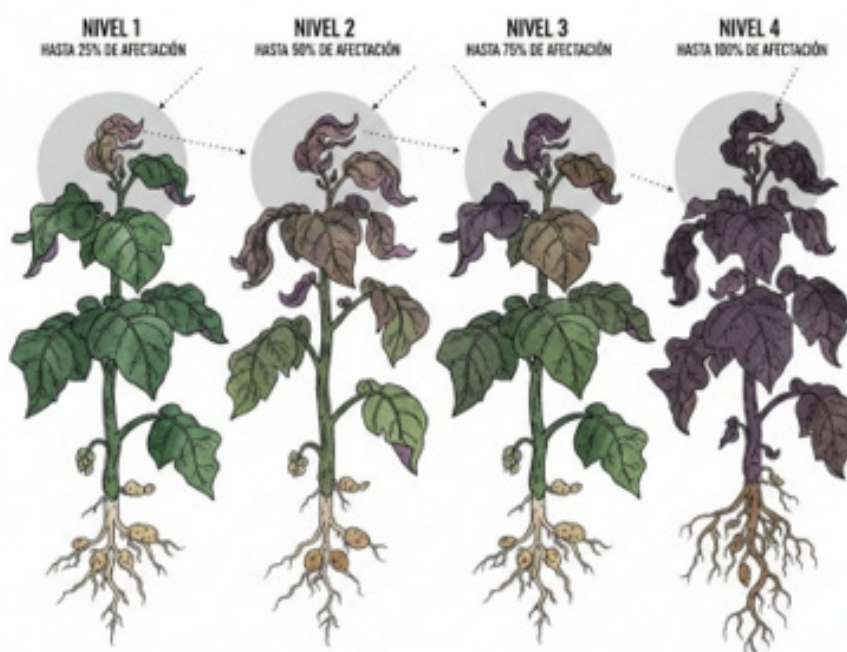
## VARIABLES EVALUADAS

Se evaluaron las variables de desarrollo días a emergencia (DAE), días a floración (DAF), vigorosidad de planta (VP) y severidad de la enfermedad (SE), a partir de la cual se calculó el área bajo la curva del progreso de la enfermedad (AUDPC), de acuerdo con la metodología descrita por Jeger y Viljanen-Rollinson (2001). Las evaluaciones de VP y SE iniciaron a los 60 días después de la siembra y se registraron semanalmente hasta el final del ciclo del cultivo.

AUDPC se calculó con base en los datos de severidad de la enfermedad, evaluada mediante una valoración visual directa de la sintomatología foliar, basada en una escala ordinal modificada de 1 a 4 categorías de acuerdo a lo descrito por Cuesta et al. (2020), siguiendo criterios de evaluación visual de enfermedades de Bock et al. (2021), donde uno corresponde a plantas hasta con un 25% de afectación; dos a plantas hasta con un 50% de afectación; tres a una afectación de hasta el 75%, y cuatro correspondiente a las plantas consideradas con una afectación del 100%, con síntomas severos y generalizados (Fig. 1).

### Figura 1.

Escaleta visual usada para estimar la SE y el AUDPC con cuatro niveles de afectación.



La vigorosidad de planta fue evaluada por un investigador previamente entrenado, quien registró el promedio del estado de cada parcela experimental, calculado de acuerdo a una escaleta modificada, que consta de cuatro categorías visuales (1-4), basada en el porte general de la planta, la uniformidad del crecimiento, el desarrollo foliar y la apariencia fisiológica (Cuesta et al., 2020), donde 1 corresponde a plantas débiles y muy débiles, caracterizadas por ser pequeñas, con escaso desarrollo foliar y apariencia debilitada,

tallos muy delgados y color verde claro; 2 son plantas con vigor intermedio y desarrollo normal; 3 corresponde a plantas con un crecimiento adecuado para el estado de desarrollo al momento del registro de la variable, robustas, con follaje de color verde oscuro, tallos gruesos y hojas muy desarrolladas; y 4 plantas muy vigorosas, con un crecimiento visiblemente superior a la categoría anterior, cobertura completa del suelo, robustas, con tallos gruesos y abundante follaje de color verde oscuro.

La cosecha se realizó en octubre de 2025, en la cual se registró el número de plantas cosechadas (NP) por unidad experimental, la producción total por planta (gr/planta), el número de tubérculos por planta y el rendimiento, calculado como la relación entre el peso total cosechado y el número de tubérculos obtenidos por categoría comercial. Dichas variables incluyeron el número de tubérculos de primera categoría (NTP) y su rendimiento (RTP), el número de tubérculos de segunda categoría (NTS) y su rendimiento (RTS) y el número de tubérculos de tercera categoría (NTT) y su rendimiento (RTT).

Los tubérculos cosechados se clasificaron en tres categorías basadas en la clasificación comercial. La categoría uno correspondió a tubérculos de 65 mm la categoría dos incluyó tubérculos de tamaño intermedio con diámetros de entre 45 y 64 mm y la categoría tres correspondió a tubérculos de menos de 45 mm (Mejía et al., 2021).

### *Análisis estadístico*

El análisis estadístico se realizó utilizando la versión 0.1.7 del paquete augmentedRCBD, implementado en el entorno R, el cual integra procedimientos estadísticos validados para el análisis de Diseños de Bloques Completos Aleatorizados Aumentados (Aravind et al., 2023).

## **RESULTADOS Y DISCUSIÓN**

Los cuadrados medios del ANDEVA (Tabla 2) para el grupo de las Guatas, ajustados por tratamientos, indicaron que no hubo diferencias significativas ( $P > 0.05$ ) entre genotipos para las variables de rendimiento ni para el VP, mientras que el AUDPC presentó diferencias altamente significativas, evidenciando contrastes reales en la progresión de la enfermedad entre los materiales evaluados. Este patrón sugiere que, durante el ciclo del ensayo, la presión epidemiológica del complejo PMP, aunque heterogénea entre genotipos, no alcanzó niveles suficientemente severos como para provocar reducciones diferenciadas en los componentes productivos, ya que varios materiales, mantuvieron su desempeño agronómico aún bajo distintos grados de infección.

La presencia simultánea de altos valores de AUDPC y rendimientos estables en ciertos genotipos respalda esta interpretación y es consistente con reportes en enfermedades vasculares sistémicas transmitidas por vectores en papa, donde puede presentarse tolerancia (mantenimiento del desempeño productivo o de calidad comercial) aún bajo infección y/o progreso de enfermedad, con desacople parcial entre severidad/síntomas y respuesta agronómica (Prager et al., 2022; Cruzado et al., 2020; Rashidi et al., 2017; Rubio-

Covarrubias et al., 2017). Resultados similares han sido reportados en evaluaciones de germoplasma silvestre de papa, donde algunas accesiones consideradas consideradas tolerantes a ZC mostraron síntomas foliares iniciales de la enfermedad alrededor de los 28 días después de la inoculación, pero fueron capaces de tolerar la infección y sobrevivir a la presencia de *Ca. L. solanacearum*. En contraste, las plantas susceptibles utilizadas como control, desarrollaron síntomas severos, marchitez progresiva y muerte eventual de las plantas. Estos hallazgos evidencian que la presencia de síntomas foliares no necesariamente implica una alta susceptibilidad, ya que ciertos genotipos pueden expresar mecanismos de tolerancia que les permiten mantener su viabilidad frente a la infección (Mora et al., 2022)

**Tabla 2.**

*Cuadrados medios del ANDEVA para los componentes de rendimiento y el AUDPC de genotipos.*

FV	Df	NTP	RTP	NTS	RTS	NTT	RTT	Vigor	AUDPC
Bloques (ignorando tratamientos)	3	1.75 ns	0.11 ns	8.03 ns	0.08 ns	13.65 ns	0.02 ns	0.29 ns	757682.07 **
Tratamientos (eliminando efecto de bloques)	23	5.24 ns	0.28 ns	15.34 ns	0.06 ns	50.46 ns	0.03 ns	0.11 ns	720160.20 **
Tratamiento: Testigo	3	4.09 ns	0.15 ns	11.70 ns	0.08 ns	24.51 ns	0.03 ns	0.04 ns	357673.40 *
Tratamientos en evaluación y comparación frente al testigo	20	5.41 ns	0.30 ns	15.89 ns	0.06 ns	54.35 ns	0.03 ns	0.13 ns	774533.22 **
Residuos	9	6.26	0.12	8.39	0.05	35.24	0.04	0.1	65,822.90

P>0.05\*; P>0.01\*\*, ns= no significativo, NTP: Numero de tubérculos de primera categoría; RTP: Rendimiento de tubérculos de primera categoría; NTS: Número de tubérculos de segunda categoría; RTS: Rendimiento de tubérculos de segunda categoría; NTT. Número de tubérculos de tercera categoría; RTT: Rendimiento de tubérculos de tercera categoría.

Además, el contraste entre los genotipos evaluados y los testigos comerciales fue significativo para el rendimiento de tubérculos de primera y segunda categoría, lo que indica que varios materiales en evaluación superaron productivamente a los testigos bajo niveles comparables de severidad de la enfermedad, ya que no se detectaron diferencias estadísticas en AUDPC entre ambos grupos.

Las diferencias significativas en AUDPC y la ausencia de diferencias estadísticas

en rendimiento y vigor indican que, bajo las condiciones del ensayo, la progresión del complejo PMP no se reflejó en reducciones productivas detectables entre los genotipos evaluados, ya que, dentro del rango de severidad observado, varios materiales mantuvieron su desempeño agronómico. La magnitud y variabilidad del AUDPC registrada es consistente con reportes en papa para enfermedades sistémicas transmitidas por vectores, donde se han documentado amplios rangos de progreso epidémico entre genotipos y ciclos de cultivo, sin que ello se traduzca necesariamente en disminuciones proporcionales del rendimiento o de la calidad comercial. En este contexto, la literatura resalta la importancia de evaluar de manera conjunta la severidad de la enfermedad y los componentes productivos, así como de validar la relación severidad–rendimiento en múltiples ambientes y años, antes de establecer conclusiones sobre la estabilidad de la tolerancia o susceptibilidad de los genotipos (Cruzado et al., 2020; Rashidi et al., 2017; Rubio-Covarrubias et al., 2017).

Los valores de AUDPC evidenciaron una amplia variabilidad en la respuesta de los genotipos frente a la enfermedad, con rangos entre 3046,94 (Guata 07) y 6583,69 (Guata 09), mientras que los testigos presentaron valores intermedios (3789,25–4470,50) (Tabla 3). Genotipos como Guata 07, Guata 27, Guata 29, Guata 30 y Guata 58 presentaron los valores más bajos de AUDPC, lo que indica una menor progresión de la enfermedad, mientras que Guata 09, Guata 12 y Guata 51 registraron los valores más altos.

**Tabla 3.**

*Medias ajustadas del AUDPC, componentes de rendimiento y vigor en genotipos de papa Guata evaluados bajo el complejo PMP.*

Tratamiento	Bloque	AUDPC		NTP	NTS	NTT	RTP	RTS	RTT	Vigor
Check1	–	4470.5	b	4.6	5.66	7.74	0.7	0.4	0.3	1.55
Check2	–	4185.3	b	2.54	2.32	2.59	0.3	0.1	0.1	1.45
Check3	–	4361.8	b	4.41	5.43	7.23	0.6	0.3	0.2	1.7
Check4	–	3789.3	c	3.05	2.9	7.6	0.3	0.2	0.2	1.53
Guata 58	1	3395.9	d	4.9	6.83	7.23	0.9	0.6	0.2	1.06
Guata 07	4	3046.9	d	7.92	5.23	2.45	1.6	0.5	0.1	0.98
Guata 09	2	6583.7	a	3.54	9.55	20.4	0.4	0.6	0.4	1.91
Guata 12	4	5990.9	a	4.67	6.54	4.98	0.7	0.5	0.2	1.48
Guata 15	1	4109.9	b	6.85	4.67	6.48	1.6	0.5	0.2	1.76
Guata 18	2	4120.7	b	4.24	4.66	3.83	1	0.6	0.2	1.71
Guata 22	3	4442.4	b	4.44	5.77	6.32	0.5	0.4	0.2	1.66
Guata 23	1	4608.9	a	10.1	11.6	10.4	1.3	0.8	0.2	1.26
Guata 25	2	4571.7	b	4.99	7.55	7.3	0.7	0.5	0.3	1.91
Guata 27	4	3282.9	d	1.3	2.16	6.33	0.2	0.2	0.1	1.48
Guata 28	4	4343.9	b	3.81	1.83	0.98	0.3	0.2	0	1.78
Guata 29	3	3296.4	d	6.54	13.9	30.3	0.6	0.7	0.8	1.36
Guata 30	1	3312.9	d	7.05	16.8	20.2	0.7	0.9	0.5	2.26
Guata 51	1	5516.9	a	6.15	4.47	2.48	1	0.3	0.1	1.26

Guata 55	3	4132.4	b	9.23	6.38	1.65	1.8	0.4	0.1	1.66
Guata 59	2	4278.7	b	3.53	2.96	1.75	1	0.2	0.1	0.91
Guata 77	2	3617.7	c	6.29	0.93	1.25	1.6	0.1	0	1.71
Guata 85	3	3906.4	c	3.69	4.25	6.25	0.6	0.3	0.2	0.86
Guata 94	4	3894.9	c	2.08	3.05	1.89	0.5	0.3	0.1	1.48
Guata 99	3	4542.4	b	2.34	2.67	1.62	0.2	0.1	0.1	1.56

El número de tubérculos de primera categoría por planta (NTP) varió entre genotipos, con valores máximos en Guata 23 (10,05) y Guata 55 (9,23), superiores a los observados en los testigos (Tabla 3). En términos de rendimiento de primera categoría (RTP), Guata 55 (1,84 kg planta<sup>-1</sup>), Guata 07 (1,63), Guata 15 (1,61) y Guata 77 (1,60) presentaron los mayores valores (Tabla 3). La mayor proporción del rendimiento destinada a tubérculos de primera categoría sugiere una mayor capacidad de estos genotipos para sostener el llenado del tubérculo bajo las condiciones del ensayo.

En enfermedades sistémicas de la papa, se ha documentado que la alteración en el transporte de fotoasimilados afecta principalmente el tamaño y la uniformidad del tubérculo, más que el número total producido (Anderson et al., 2013; Lin & Gudmestad, 2013; Munyaneza, 2011) particularly in the North Island. TPP and Zebra chip (ZC, por lo que la presencia de genotipos con altos valores de RTP resulta particularmente relevante desde el punto de vista agronómico y comercial. En este estudio, los genotipos con mayor producción de primera categoría superaron claramente a los testigos, lo que refuerza su interés para evaluaciones avanzadas en zonas con presencia del complejo PMP.

Para la segunda categoría se observó un comportamiento diferencial entre genotipos. Guata 30 (16,77) y Guata 29 (13,87) presentaron los valores más altos de NTS, mientras que Guata 30 (0,91 kg planta<sup>-1</sup>), Guata 23 (0,76) y Guata 29 (0,73) registraron los mayores valores de RTS (Tabla 3). Este patrón indica diferencias entre genotipos en la distribución del rendimiento por calibre, lo cual puede afectar la proporción de tubérculos comercialmente preferidos aun cuando el rendimiento total no cambie de forma marcada. En complejos asociados a patógenos como PMP, se ha documentado que la enfermedad puede inducir reducción del tamaño comercial, incremento de tubérculos pequeños y alteraciones en el desarrollo del tubérculo, especialmente cuando la infección ocurre tempranamente o cuando se presenta senescencia prematura, lo que se refleja en cambios de la estructura del rendimiento más que en el número total de tubérculos (V. Mora et al., 2022; O'Shaughnessy et al., 2022; Zwolinski, 2013).

En el caso de la tercera categoría, los valores de NTT y RTT fueron mayores en Guata 29 (30,32; 0,81) y Guata 30 (20,18; 0,53), lo que sugiere una mayor proporción de tubérculos pequeños en estos genotipos (Tabla 3). Este comportamiento puede relacionarse con diferencias genéticas del material y con el impacto del complejo sobre el crecimiento y llenado del tubérculo, lo que tiende a desplazar parte del rendimiento hacia calibres de menor valor comercial. En contraste, Guata 28, Guata 55, Guata 59 y Guata 77 presentaron valores bajos de NTT y RTT, lo cual indica una mejor proporción del rendimiento hacia categorías de mayor valor comercial en las condiciones del ensayo. Estos resultados

resaltan la utilidad de incorporar, además del AUDPC, indicadores de calidad comercial del rendimiento para discriminar genotipos en ambientes con presencia del complejo PMP (V. Mora et al., 2022; O'Shaughnessy et al., 2022).

El rendimiento estimado a partir de la suma de los tubérculos de primera y segunda categoría (RTP + RTS) presentó una variación entre 0,3 kg planta<sup>-1</sup> en el genotipo Guata 99 y 2,2 kg planta<sup>-1</sup> en Guata 55 (Tabla 3). Este rango productivo se encuentra dentro e incluso por encima de los niveles de rendimiento previamente reportados para papa guata en el departamento de Nariño bajo condiciones de manejo convencional. En este contexto, Madroñero et al. (2013) documentaron rendimientos entre 0,53 y 1,25 kg planta<sup>-1</sup> para la mayoría de los 102 genotipos de papa andígena evaluados en una caracterización morfoagronómica. En comparación con estos antecedentes, varios de los genotipos evaluados en el presente estudio alcanzaron rendimientos equivalentes o superiores, lo que evidencia su potencial productivo y sugiere que estos materiales mantienen un desempeño agronómico competitivo en las condiciones agroecológicas del sur de Colombia.

El comportamiento productivo observado en esta evaluación, se relaciona con la variabilidad observada en otras variables agronómicas evaluadas, como el número de tubérculos por categoría y el vigor de planta, las cuales influyen directamente en la conformación del rendimiento final. En este sentido, genotipos como Guata 07, Guata 15, Guata 23, Guata 55 y Guata 77 presentaron valores superiores a 1,5 kg planta<sup>-1</sup>, evidenciando una mayor capacidad de producción de tubérculos comerciales (primera y segunda categoría). Estos resultados resaltan la diversidad en el potencial productivo de los genotipos de papa y confirman que el rendimiento en papa está fuertemente influenciado por la variabilidad genética entre genotipos (Madroñero et al., 2013).

Por otra parte, en evaluaciones agronómicas de papa criolla realizadas en la región, Martínez y Lagos (2021) evaluaron diferentes genotipos de papa criolla bajo niveles reducidos de fertilización (60, 70 y 80%), tomando como referencia una dosis base de 900 kg ha<sup>-1</sup> de NPK, comúnmente utilizada en los sistemas productivos del departamento de Nariño. En dicho estudio se reportaron rendimientos que oscilaron entre 13 y 29 t ha<sup>-1</sup> en Ipiales, entre 17 y 26 t ha<sup>-1</sup> en Botana (Pasto) y valores cercanos a 40–50 t ha<sup>-1</sup> en Gualmatán, que dependieron tanto del genotipo evaluado como del nivel de fertilización aplicado. Asimismo, los autores señalaron que los mayores rendimientos se obtuvieron con los niveles de fertilización del 60 y 70%, los cuales resultaron comparables con el nivel de fertilización empleado en el presente estudio (900 kg ha<sup>-1</sup> de NPK). En contraste, los resultados obtenidos en este trabajo evidencian rendimientos superiores, ya que el rango de producción estimado, ajustado a toneladas por hectárea, osciló entre 10 y 73,3 t ha<sup>-1</sup>, superando ampliamente los valores reportados en el ensayo de fertilización mencionado.

Teniendo en cuenta que aunque la dosis de fertilización utilizada en esta investigación fue ligeramente superior a la utilizada por Martínez y Lagos-Burbano (2021), este factor por sí solo no explicaría los mayores rendimientos observados en algunos genotipos evaluados, ya que diversos estudios han demostrado que incrementos en la fertilización por

encima de ciertos niveles no necesariamente se traducen en aumentos significativos del rendimiento, debido a limitaciones en la asimilación de nutrientes por parte de la planta o a que el cultivo solo requiere la extracción de cantidades específicas de elementos minerales (Mora et al., 2021; Morales et al., 2018). En este sentido, los rendimientos registrados en el presente estudio podrían estar asociados principalmente a factores genéticos de los genotipos evaluados. Asimismo, a pesar de la presión de infección del complejo PMP en el presente en el ensayo, el hecho de que varios genotipos evaluados mantuvieran niveles de producción comparables o superiores a los reportados para sistemas de producción regionales, sugiere que, bajo las condiciones fertilización del ensayo, la presencia del complejo PMP no generó reducciones sustanciales en la productividad de varios genotipos, comparados con los testigos, quienes mostraron rangos de rendimientos inferiores a los observados los tratamientos (13.3 a 36.7 t ha<sup>-1</sup>).

El vigor de la planta evaluado en la última medición previa a la cosecha mostró valores que oscilaron entre 0,91 (Guata 59) y 2,26 (Guata 30), y en general la mayoría de los genotipos presentó niveles comparables o superiores a los testigos (Tabla 3). Genotipos como Guata 30, Guata 25, Guata 09 y Guata 28 registraron mayor vigor vegetativo, lo que indica una adecuada capacidad de crecimiento aéreo bajo las condiciones del ensayo. No obstante, este mayor desarrollo vegetativo no se asoció necesariamente con menores valores de AUDPC, lo que evidencia que el vigor y la progresión del complejo PMP no siguieron una relación directa en este ciclo productivo. Se ha documentado que la infección puede coexistir con un crecimiento vegetativo aparentemente normal durante parte del ciclo, mientras se producen alteraciones fisiológicas internas que afectan el transporte de fotoasimilados o la calidad del tubérculo, lo que explica la ausencia de una correspondencia simple entre biomasa aérea y severidad visual (Lin & Gudmestad, 2013; Munyaneza, 2012).

En este estudio, los rangos de AUDPC observados pueden considerarse moderados a altos para evaluaciones de campo bajo presión natural del complejo de punta morada. Estos valores son comparables con los reportados en ensayos realizados en ambientes con presencia endémica del complejo patógeno–vector asociado a la enfermedad, donde se enfatiza la necesidad de analizar de manera conjunta variables como vigor, severidad y rendimiento para discriminar adecuadamente el comportamiento agronómico de los genotipos (O’Shaughnessy et al., 2022).

El análisis conjunto del AUDPC, las variables productivas y el vigor indica que varios genotipos de papa guata presentaron un comportamiento agronómico favorable, caracterizado por valores de severidad acumulada inferiores o cercanos a los de los tratamientos testigo y por una producción estable de tubérculos comerciales (Tabla 3).

Los valores de AUDPC registrados en este estudio (3046,94–6583,69) se ubican dentro del rango reportado para evaluaciones de campo bajo presión natural de enfermedades sistémicas transmitidas por vectores en papa, donde se han documentado niveles similares o superiores de progreso epidémico dependiendo del momento de infección, la intensidad del vector y el ambiente (Lin & Gudmestad, 2013; Munyaneza, 2012;

O'Shaughnessy et al., 2022). En este contexto, genotipos como Guata 07, Guata 15, Guata 23, Guata 55 y Guata 77 combinaron valores relativamente bajos de AUDPC con altos rendimientos de tubérculos de primera categoría, lo que los identifica como materiales promisorios para su evaluación en sistemas productivos con presencia del complejo PMP, particularmente en escenarios donde la estabilidad del rendimiento comercial es un criterio prioritario de selección.

## CONCLUSIONES

Los genotipos de papa guata evaluados mostraron una marcada variabilidad en la dinámica de progresión del complejo de punta morada (PMP), reflejada en diferencias significativas en el AUDPC. Sin embargo, las variables relacionadas con el rendimiento por categorías comerciales y el vigor vegetativo no evidenciaron diferencias estadísticas entre genotipos en el ciclo y las condiciones ambientales evaluadas.

Algunos genotipos, particularmente Guata 07, Guata 15, Guata 23, Guata 55 y Guata 77, combinaron valores relativamente bajos de AUDPC con alto rendimiento de tubérculos de primera categoría, lo que los identifica como materiales promisorios para evaluaciones posteriores en sistemas productivos con presencia del complejo PMP.

Los resultados resaltan la necesidad de validar el comportamiento agronómico y sanitario de estos materiales en múltiples ambientes y ciclos productivos, así como de integrar análisis que relacionen la severidad de la enfermedad con los componentes del rendimiento, antes de establecer conclusiones definitivas sobre la tolerancia o resistencia genética.

## REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Anderson, J. A. D., Walker, G. P., Alspach, P. A., Jeram, M., & Wright, P. J. (2013). Assessment of Susceptibility to Zebra Chip and *Bactericera cockerelli* of Selected Potato Cultivars under Different Insecticide Regimes in New Zealand. *American Journal of Potato Research*, 90(1), 58-65. <https://doi.org/10.1007/s12230-012-9276-x>
- Aravind, J., Sankar, S. M., Wankhede, D. P., & Kaur, V. (2023). *augmentedRCBD: Analysis of Augmented Randomised Complete Block Designs*.
- Berdugo-Cely, J. A., Martínez-Moncayo, C., & Lagos-Burbano, T. C. (2021). Genetic analysis of a potato (*Solanum tuberosum* L.) breeding collection for southern Colombia using Single Nucleotide Polymorphism (SNP) markers. *PLOS ONE*, 16(3), e0248787. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0248787>
- Berdugo-Cely, J., Valbuena, R. I., Sánchez-Betancourt, E., Barrero, L. S., & Yockteng, R. (2017). Genetic diversity and association mapping in the Colombian Central Collection of *Solanum tuberosum* L. Andigenum group using SNPs markers. *PLOS ONE*, 12(3), e0173039. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0173039>

- Bock, C. H., Chiang, K.-S., & Del Ponte, E. M. (2021). Plant disease severity estimated visually: A century of research, best practices, and opportunities for improving methods and practices to maximize accuracy. *Tropical Plant Pathology*, 47(1), 25-42. <https://doi.org/10.1007/s40858-021-00439-z>
- Cáceres, P. A., Pumisacho, M., Forbes, G. A., & Andrade-Piedra, J. L. (2007). *Guía para facilitar el aprendizaje sobre control de tizón tardío de la papa* (Shirma Guzmán) [Digital]. Instituto Nacional Autónomo de Investigaciones Agropecuarias del Ecuador (INIAP), Secretaría Nacional de Ciencia y Tecnología del Ecuador (SENACYT). (Obra original publicada en Quito, Ecuador)
- Caicedo J., Crizón M., Pozo A., Cevallos A., Simbaña L., Rivera L., & Arahana V. (2015). First report of ‘*Candidatus Phytoplasma aurantifolia*’ (16SrII) associated with potato purple top in San Gabriel-Carchi, Ecuador. *New Disease Reports*, 32(1), 20-20. <https://doi.org/10.5197/j.2044-0588.2015.032.020>
- Caicedo, J. D., Simbaña, L. L., Calderón, D. A., Lalangui, K. P., & Rivera-Vargas, L. I. (2020). First report of ‘*Candidatus Liberibacter solanacearum*’ in Ecuador and in South America. *Australasian Plant Disease Notes*, 15(1), 6. <https://doi.org/10.1007/s13314-020-0375-0>
- Castillo, C., Ribera, V., Gill, U., Rengifo, J., & Secor, G. (2022). ‘*Candidatus Phytoplasma americanum*’ identification in potatoes showing purple top disease in Ecuador. *Phytopathogenic Mollicutes*, 12(2), 114-118. <https://doi.org/10.5958/2249-4677.2022.00051.2>
- Castillo Carrillo, C., Paltrinieri, S., Bustamante, J. B., & Bertaccini, A. (2018). Detection and molecular characterization of a 16SrI-F phytoplasma in potato showing purple top disease in Ecuador. *Australasian Plant Pathology*, 47(3), 311-315. <https://doi.org/10.1007/s13313-018-0557-9>
- Cruzado, R. K., Rashidi, M., Olsen, N., Novy, R. G., Wenninger, E. J., Bosque-Pérez, N. A., Karasev, A. V., Price, W. J., & Rashed, A. (2020). Effect of the level of “*Candidatus Liberibacter solanacearum*” infection on the development of zebra chip disease in different potato genotypes at harvest and post storage. *PLOS ONE*, 15(4).
- Cuesta, X., Rivadeneira, J., & Monteros, C. (2020). *Mejoramiento Genético de papa: Conceptos, procedimientos, metodologías y protocolos* (Vol. 426) [Digital]. INIAP, Estación Experimental Santa Catalina. <https://repositorio.iniap.gob.ec/items/9fedb3c3-fe8c-41de-8116-09cfb195b2f7>
- Díaz, J. S., Caicedo, Y. A., Caro, A. E., Pardo, X. A., García, Y. A., & Arcila, I. M. (2018). Evaluación de tres variedades de papa criolla en rendimiento, resistencia y susceptibilidad a *Phytophthora infestans* bajo fertilización orgánica. *Ciencias Agropecuarias*, 4(1), 3-8. <https://doi.org/10.36436/24223484.238>

- Estrada, R. N. (1999). *La biodiversidad en el mejoramiento genético de la papa*. Centro de Información para el desarrollo. (Obra original publicada en Centro Internacional de la Papa)
- Federer, W. T. (1961). Augmented Designs with One-Way Elimination of Heterogeneity. *Biometrics*, 17(3), 447-473. JSTOR. <https://doi.org/10.2307/2527837>
- Franco-Lara, L., Varela-Correa, C. A., Guerrero-Carranza, G. P., & Quintero-Vargas, J. C. (2023). Association of phytoplasmas with a new disease of potato crops in cundinamarca, Colombia. *Crop Protection*, 163, 106123. <https://doi.org/10.1016/j.cropro.2022.106123>
- Gafforov, Y., Rašeta, M., Zafar, M., Makhkamov, T., Yarasheva, M., Chen, J.-J., Zhumagul, M., Wang, M., Ghosh, S., Abbasi, A. M., Yuldashev, A., Mamarakhimov, O., Alosaimi, A. A., Berdieva, D., & Rapior, S. (2024). Exploring biodiversity and ethnobotanical significance of *Solanum* species in Uzbekistan: Unveiling the cultural wealth and ethnopharmacological uses. *Frontiers in Pharmacology*, 14, 1287793. <https://doi.org/10.3389/fphar.2023.1287793>
- Garza, L. (1999). Control de la marchitez de la planta y necrosis interna del tubérculo en papa en Coahuila y Nuevo León. *Campo Experimental Saltillo, INIFAP. Folleto Técnico*, (1).
- Gebhardt, C. (2013). Bridging the gap between genome analysis and precision breeding in potato. *Trends in Genetics*, 29(4), 248-256. <https://doi.org/10.1016/j.tig.2012.11.006>
- Giaccaglia, G., Carrillo, C. C., Pacini, F., & Bertaccini, A. (2024). Phloem Limited Bacteria in Potato with Purple Top Disease and in *Bactericera cockerelli* in Ecuador. *Phytopathogenic Mollicutes*, 14(1), 31-42. <https://doi.org/10.5958/2249-4677.2024.00004.4>
- Gutiérrez-Ibáñez, A. T., Pale, J. R. S., Cerda, A. L., Dávila, J. F. R., Melgarejo, A. B., & Gómez, O. G. A. (2013). *Detección de Ca Liberibacter solanacearum y fitoplasmas en cultivo de papa (Solanum tuberosum L.) en el Valle de Toluca*. (1).
- Hansen, A., Trumble, J., Stouthamer, R., & Paine, T. (2008). A new huanglongbing species, "Candidatus *Liberibacter psyllauros*," found to infect tomato and potato, is vectored by the psyllid *Bactericera cockerelli* (Sulc). *Applied and environmental microbiology*, 74(18), 5862-5865.
- ICA. (2021). *Complejo Bactericera cockerelli Sulc (Hemiptera: Triozidae) – Punta Morada de la Papa*. Instituto Colombiano Agropecuario. <https://www.ica.gov.co/micrositios/puntamorada>

- Jeger, M. J., & Viljanen-Rollinson, S. L. H. (2001). The use of the area under the disease-progress curve (AUDPC) to assess quantitative disease resistance in crop cultivars: *Theoretical and Applied Genetics*, 102(1), 32-40. <https://doi.org/10.1007/s001220051615>
- Kou, Y., & Wang, S. (2010). Broad-spectrum and durability: Understanding of quantitative disease resistance. *Current Opinion in Plant Biology*, 13(2), 181-185. <https://doi.org/10.1016/j.pbi.2009.12.010>
- Křížkovská, B., Viktorová, J., & Lipov, J. (2022). Approved Genetically Modified Potatoes (*Solanum tuberosum*) for Improved Stress Resistance and Food Safety. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 70(38), 11833-11843. <https://doi.org/10.1021/acs.jafc.2c03837>
- Lado, B., Battenfield, S., Guzmán, C., Quincke, M., Singh, R. P., Dreisigacker, S., Peña, R. J., Fritz, A., Silva, P., Poland, J., & Gutiérrez, L. (2017). Strategies for Selecting Crosses Using Genomic Prediction in Two Wheat Breeding Programs. *The Plant Genome*, 10(2), plantgenome2016.12.0128. <https://doi.org/10.3835/plantgenome2016.12.0128>
- Lin, H., & Gudmestad, N. C. (2013). Aspects of Pathogen Genomics, Diversity, Epidemiology, Vector Dynamics, and Disease Management for a Newly Emerged Disease of Potato: Zebra Chip. *Phytopathology*®, 103(6), 524-537. <https://doi.org/10.1094/PHYTO-09-12-0238-RVW>
- Madroñero, I. C., Rosero, J., Rodríguez, L., Navia, J., & Benavides. (2013). MORPHO-AGRONOMIC CHARACTERIZATION OF PROMISING NATIVE CREOLE POTATO GENOTYPES. *TEMAS AGRARIOS*, 18(2). <https://repositorio.unicordoba.edu.co/handle/ucordoba/445>
- Maramorosch, K. (1998). Current status of potato purple top wilt. *International Journal of Tropical Plant Diseases*, 16(1), 61-72. <https://www.cabidigitallibrary.org/doi/full/10.5555/20033139331>
- Martinez, C., & Lagos, T. C. (2021). *Respuesta de genotipos de Solanum tuberosum grupo Phureja a diferentes niveles de fertilización y densidades de siembra* (Vol. 1). Universidad de Nariño. <http://sired.udenar.edu.co/id/eprint/7327>
- Mejía, D. F., Valencia, L. F., Latorre, L. I., & Trejo, D. M. (2021). *5 Manual de procedimientos agroindustrial* (Vol. 1) [Digital]. Universidad de Nariño. <https://sired.udenar.edu.co/7449/1/5%20Manual%20de%20procedimientos.pdf>
- Mora, S. R., Flores Ayala, S., Chulde Minda, J., Puetate Mejía, L., & Revelo Ruales, V. (2021). Alternativas de fertilización empleando bioestimulantes y biofertilizantes para el cultivo de papa (*Solanum tuberosum* L.), en Montúfar—Carchi. *SATHIRI*, 16(1),

132-143. <https://doi.org/10.32645/13906925.1045>

- Mora, V., Ramasamy, M., Damaj, M. B., Irigoyen, S., Ancona, V., Avila, C. A., Vales, M. I., Ibanez, F., & Mandadi, K. K. (2022). Identification and Characterization of Potato Zebra Chip Resistance Among Wild *Solanum* Species. *Frontiers in Microbiology*, *13*, 857493. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2022.857493>
- Morales, J. L., Hernández Martínez, J., & Rebollar Rebollar, S. (2018). Rendimiento de papa con fuentes de fertilización mineral en un Andosol del Estado de México. *Revista Mexicana de Ciencias Agrícolas*, *4*(6), 881-893. <https://doi.org/10.29312/remexca.v4i6.1156>
- Munyanza, J. E. (2011). Zebra Chip Disease of Potato: Biology, Epidemiology, and Management. *American Journal of Potato Research*, *89*(5), 329-350. <https://doi.org/10.1007/s12230-012-9262-3>
- Munyanza, J. E. (2012). Zebra Chip Disease of Potato: Biology, Epidemiology, and Management. *American Journal of Potato Research*, *89*(5), 329-350. <https://doi.org/10.1007/s12230-012-9262-3>
- Nasir, M. M., Mughal, S. M., & Khan, S. M. (2007). Occurrence, distribution and detection of potato purple top phytoplasma disease in the Punjab (Pakistan). *60*(2), 377-378.
- O'Shaughnessy, S. A., Rho, H., Colaizzi, P. D., Workneh, F., & Rush, C. M. (2022). Impact of zebra chip disease and irrigation levels on potato production. *Agricultural Water Management*, *269*, 107647. <https://doi.org/10.1016/j.agwat.2022.107647>
- Parga, V. M., Garza, C. N. O., Villa, M. Z., Escalante, F. B., Narro, A., Manuel, J., Ramírez, C., Benítez, A. L., León, H. A., & Terán, G. (2011). Evaluación, Selección y Caracterización de Genotipos de Papa Tolerantes al Síndrome de Punta Morada. *Revista Mexicana de Fitopatología*, *29*(1). [http://www.scielo.org.mx/scielo.php?script=sci\\_arttext&pid=S0185-33092011000100002&lng=es&tlng=es](http://www.scielo.org.mx/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0185-33092011000100002&lng=es&tlng=es)
- Prager, S. M., Cohen, A., Cooper, W. R., Novy, R., Rashed, A., Wenninger, E. J., & Wallis, C. (2022). A comprehensive review of zebra chip disease in potato and its management through breeding for resistance/tolerance to «*Candidatus Liberibacter solanacearum*» and its insect vector. *Pest Management Science*, *78*(9), 3731-3745. <https://doi.org/10.1002/ps.6913>
- Rashidi, M., Novy, R. G., Wallis, C. M., & Rashed, A. (2017). Characterization of host plant resistance to zebra chip disease from species-derived potato genotypes and the identification of new sources of zebra chip resistance. *PLOS ONE*, *12*(8), e0183283. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0183283>
- Rubio-Covarrubias, O. A., Cadena-Hinojosa, M. A., Prager, S. M., Wallis, C. M., & Trumble,

- J. T. (2017). Characterization of the Tolerance against Zebra Chip Disease in Tubers of Advanced Potato Lines from Mexico. *American Journal of Potato Research*, 94(4), 342-356. <https://doi.org/10.1007/s12230-017-9570-8>
- Salazar, L. (1995). Los virus de la Papa y su control. 1995. Ed. *CIP Centro Internacional de la Papa*.
- Soto, J., Medina, T., Aquino, Y., & Estrada, R. (2013). Diversidad genética de papas nativas (*Solanum*spp.) conservadas en cultivares nativos del Perú. *Revista Peruana de Biología*, 20(3), 215-222. <https://doi.org/10.15381/rpb.v20i3.5216>
- Tiwari, J. K., Ali, N., Devi, S., Zinta, R., Kumar, V., & Chakrabarti, S. K. (2019). Analysis of allelic variation in wild potato (*Solanum*) species by simple sequence repeat (SSR) markers. *3 Biotech*, 9(7), 262. <https://doi.org/10.1007/s13205-019-1785-6>
- Wang, R.-F., & Su, W.-H. (2024). The Application of Deep Learning in the Whole Potato Production Chain: A Comprehensive Review. *Agriculture*, 14(8), 1225. <https://doi.org/10.3390/agriculture14081225>
- Zhang, Z., Zhang, P., Ding, Y., Wang, Z., Ma, Z., Gagnon, E., Jia, Y., Cheng, L., Bao, Z., Liu, Z., Wu, Y., Hu, Y., Lian, Q., Lin, W., Wang, N., Ye, K., Wang, H., Zhang, J., Zhou, Y., ... Huang, S. (2025). Ancient hybridization underlies tuberization and radiation of the potato lineage. *Cell*, 188(19), 5249-5265.e15. <https://doi.org/10.1016/j.cell.2025.06.034>
- Zwolinski, M. (2013). *Bactericera cockerelli*. *EPP0 Bulletin*, 43(2), 202-208. <https://doi.org/10.1111/epp.12044>