

Análisis de Resistencia a *Bactericera cockerelli* en Germoplasma de Papa: Un enfoque sostenible

*Analysis of Resistance to *Bactericera cockerelli* in Potato Germplasm: A Sustainable Approach*

Jessica M. Amagua Bautista 

Universidad Central del Ecuador, Facultad de Ciencias Agrícolas, Escuela de Ingeniería Agronómica, Quito, Ecuador.

Recibido: 04/04/2024, Aceptado: 30/07/2025

Autor de correspondencia: Jessica Amagua: jessica.amagua@gmail.com

DOI: <https://doi.org/10.53358/ideas.v7i2.1240>



PALABRAS CLAVE

Bactericera cockerelli,
Resistencia,
Papa,
Biodiversidad,
Sostenibilidad

RESUMEN

Bactericera cockerelli (Sulc) es el principal vector de patógenos asociados al floema de las plantas, responsables del Complejo de la Punta Morada de la Papa, una enfermedad que puede causar pérdidas de hasta el 100 % en el cultivo de papa. Los métodos de control químico, basados principalmente en insecticidas, han demostrado ser ineficientes debido al desarrollo de resistencia del insecto. Esta problemática resalta la necesidad de implementar estrategias sostenibles para mitigar su impacto. Una estrategia prometedora es la resistencia genética de las plantas, específicamente la antibiosis, este tipo de resistencia implica que las plantas afecten negativamente la biología del insecto. En este contexto, el presente estudio tuvo como objetivo identificar genotipos de papa que conserva el Programa Nacional de Raíces y Tubérculos del Instituto Nacional de Investigaciones Agropecuarias con características de resistencia por antibiosis frente a *B. cockerelli*, mediante un análisis estadístico basado en un Diseño Factorial completo. La evaluación consideró el número de huevos ovipositados en diferentes días de evaluación en 9 especies silvestres, 18 variedades mejoradas, 15 variedades nativas y 18 clones promisorios. Identificando genotipos con una marcada resistencia por antibiosis. Estos materiales pueden contribuir con recursos genéticos valiosos para los programas de mejoramiento y la implementación de estrategias de manejo integrado de cultivo reduciendo de esta manera la dependencia de plaguicidas que ponen en riesgos la salud humana y la biodiversidad.

KEYWORDS

Bactericera cockerelli,
Resistance,
Potato,
Biodiversity,
Sustainability

ABSTRACT

Bactericera cockerelli (Sulc) is the main vector of plant phloem-associated pathogens responsible for the potato purple top complex, a disease that can cause losses of up to 100 % in potato crops. Chemical control methods, mainly based on insecticides, have proven to be inefficient due to the development of insect resistance. This problem highlights the need to implement sustainable strategies to mitigate its impact. One promising strategy is the genetic resistance of plants, specifically antibiosis, this type of resistance implies that plants negatively affect the insect's biology. In this context, the present study aimed to identify potato genotypes conserved by the National Roots and Tubers Program of the National Institute of Agricultural Research with antibiosis resistance characteristics against *B. cockerelli*, by means of a statistical analysis based on a complete factorial design. The evaluation considered the number of eggs oviposited on different days of evaluation in 9 wild species, 18 improved varieties, 15 native varieties and 18 promising clones. Genotypes with a marked resistance due to antibiosis were identified. These materials can contribute valuable genetic resources for breeding programs and the implementation of integrated crop management strategies, thus reducing dependence on pesticides that endanger human health and biodiversity.

1. Introducción

La papa es el principal cultivo alimenticios en el mundo, ocupa el cuarto lugar después del arroz, el maíz y el trigo [1]. En Ecuador, la papa es uno de los principales cultivos para la región Sierra, donde se cultiva entre los 2700 y 3400 m de altitud [2]. Para el 2023 se reportó un área cosechada de 17,927 hectáreas, con una producción total de 262,037.99 toneladas, lo que representa un rendimiento promedio de 14.06 t/ha [3]. Además, Ecuador es reconocido como uno de los centro de biodiversidad de papa en el mundo, con más de 550 variedades nativas [4] y 23 especies silvestres [5]. Esta diversidad es importante para el mejoramiento y la conservación del cultivo, porque proporciona alternativas frente a desafíos como el cambio climático y plagas emergentes, que afectan al cultivo de papa [6], [7].

Entre las principales limitantes bióticas que afectan al cultivo está el llamado Complejo de la Punta Morada de la Papa (CPMP) causado por Fitoplasmas y por *Candidatus Liberibacter Solanacearum* (CaLso), este último es transmitido por semilla y por el psílido *Bactericera cockerelli* (Sulc) [8]. Los principales síntomas que presentan las plantas son clorosis, enrollamiento de las hojas inferiores, enanismo, acortamiento de los entrenudos, aborto prematuro de flores, coloración morada de las hojas superior, clorosis, proliferación de yemas axilares, necrosis vascular, tuberización aérea [9], [10], filodias, crecimiento del tallo en zigzag, rendimiento reducido [11] y síntomas en el tubérculo conocido como "papa manchada." "zebra chip" causada principalmente por CaLso [8], [12]. Tanto el insecto como los organismos asociados llegan a causar pérdidas hasta en un 100 %, impactando la producción de papa y otras solanáceas [13], [14], y obligando al agricultor a abandonar los campos infectados, plantar otros cultivos y, en algunos casos, dejan de sembrar papa por completo o están sembrando en el frágil ecosistema del páramo, causando riesgos a la seguridad alimentaria de las familias y la biodiversidad [15]. La principal forma de manejar el CPMP es a través del control de *B. cockerelli*, actualmente el uso de insecticidas es el método más ampliamente implementado, que en algunos casos puede superar los 20 controles durante el ciclo de cultivo [16], [17]. El uso frecuente de los insecticidas principalmente los neonicotinoides (Grupo A4) ha causado preocupaciones sobre la resistencia generalizada sobre estos [18], [19].

B. Cockerelli fue reportado por primera vez en Ecuador en 2017 [8]. Desde entonces, el Programa Nacional de Raíces y Tubérculos, rubro papa (PNRT-papa), del Instituto Nacional de Investigaciones Agropecuarias (INIAP) ha estado investigando este problema con el objetivo de desarrollar estrategias de manejo integrado del CPMP, priorizando alternativas sostenibles y amigables con el ambiente [15]. Entre estas estrategias, se ha explorado el uso de resistencia genética y productos naturales para mitigar los efectos de la enfermedad sobre la producción y calidad del tubérculo, reduciendo así la dependencia de agroquímicos [20].

El desarrollo de variedades de papa con resistencia genética basada en mecanismos de antibiosis permite a las plantas activar reacciones de biocontrol que afectan negativamente la biología del insecto plaga, reduciendo su supervivencia en etapas inmaduras, provocando malformaciones o disminuyendo su capacidad reproductiva [21].

En este contexto, la presente investigación responde a la necesidad de identificar genotipos de papa con resistencia por antibiosis a *B. cockerelli*. Para ello, se realizó un análisis estadístico basado en un diseño experimental factorial completo, en el que se estudiaron: 9 especies silvestres, 18 variedades mejoradas, 15 variedades nativas ecuatorianas, y 18 clones experimentales, estos últimos fueron obtenidos del Centro Internacional de la Papa (Clones _ CIP) y del PNRT-papa (Clones _ INIAP).

Revisión del estado del arte de resistencia a *B. Cockerelli*

Para la revisión de la literatura sobre la resistencia a *B. cockerelli* en papa se consultó la base de datos Scopus utilizando el siguiente motor de búsqueda. search terms: (TITLE (resistance) AND TITLE (bactericera) AND TITLE (cockerelli)) A continuación se presentan los resultados de investigaciones sobre esta problemática. En estudios realizados en México evaluaron el potencial de los parientes silvestres del tomate (*Solanum lycopersicum* L.) injertados para conferir resistencia contra el psílido *Bactericera cockerelli* (Sulc). Con experimentos en condiciones controladas y campo, se demostró que los injertos con especies silvestres mejoraron significativamente la resistencia a esta plaga. Los resultados mostraron una reducción notable en la oviposición y el desarrollo del psílido en comparación con las plantas convencionales. Este trabajo destaca la importancia de explorar los parientes silvestres como una fuente valiosa de genes de resistencia que pueden ser transferidos a cultivos comerciales [22].

En Evaluaciones de resistencia a cinco insecticidas en cuatro poblaciones de *Bactericera cockerelli* en México, encontrando que las poblaciones de Saltillo y Raíces mostraron alta resistencia al imidacloprid, con factores de resistencia de 20.4 y 29.3 veces, respectivamente, mientras que la población de San Rafael presentó resistencia significativa al endosulfán (11.7 veces). En contraste, la población de Huachichil no mostró resistencia relevante. Estos resultados resaltan la urgencia de implementar estrategias de manejo integrado de plagas para reducir el uso de agroquímicos y evitar una mayor resistencia en el psílido de la papa [23].

En investigaciones usando *Solanum habrochaites*, un pariente silvestre del tomate, como posible recurso genético para el manejo de *B. cockerelli* y el patógeno *Candidatus Liberibacter solanacearum*, causante de la enfermedad “Zebra Chip”, encontraron que *S. habrochaites* tiene un efecto repelente y tóxico significativo sobre los psíldos en comparación con el tomate cultivado (*S. lycopersicum*). Sin embargo, aunque se observó una menor tasa de transmisión del patógeno en *S. habrochaites*, no logró prevenir completamente la infección. Este resultado resalta el potencial de los parientes silvestres no solo como herramienta de manejo de plagas, sino también como recurso genético para la mejora de cultivos [24].

Chávez et al., (2015) evaluaron la resistencia a insecticidas en tres poblaciones de *Bactericera cockerelli* en el norte de México. Los resultados mostraron niveles elevados de resistencia a abamectina y endosulfán, mientras que la resistencia a imidacloprid fue relativamente baja. El uso continuado e inadecuado de insecticidas puede llevar a crear resistencia por parte del insecto, lo que compromete la efectividad de los productos fitosanitarios. Se recomienda la rotación de insecticidas y la implementación de estrategias de manejo integrado, que incluyen el uso de prácticas más sostenibles y menos dependientes de químicos, para reducir la resistencia en las poblaciones de *B. cockerelli*.

Szczepaniec et al. (2019) estudiaron la creciente resistencia de *B. cockerelli* a los insecticidas neonicotinoides en el suroeste de los Estados Unidos. Los resultados obtenidos indican que las poblaciones de *B. cockerelli* presentan una variación significativa en los niveles de resistencia, especialmente en áreas de intensivo de estos insecticidas. Si bien la resistencia varió entre las diferentes regiones, el estudio destacó que la exposición prolongada a estos insecticidas estaba contribuyendo a la selección de cepas resistentes, lo que podría comprometer su eficacia en el control del insecto. Estos resultados muestran la necesidad de buscar técnicas de manejo del insecto para reducir la dependencia de los insecticidas.

Avila et al., (2019) analizaron la resistencia de *Bactericera cockerelli* en tomate silvestre *Solanum habrochaites*, destacando que esta resistencia es poligénica y está influenciada por la presencia de *Candidatus Liberibacter solanacearum*, el patógeno asociado con la enfermedad de “Zebra Chip” en cultivos de solanáceas. Además, los hallazgos indican que la resistencia no depende de un solo factor genético, sino de una interacción entre varios genes, lo que dificulta la selección y manejo de cepas resistentes debido a la naturaleza compleja y variable de la resistencia.

Finalmente Kiani et al. (2022), utilizaron la tecnología de secuenciación ddRAD para identificar loci genéticos asociados con la resistencia a pesticidas en *Bactericera cockerelli*, revelando nuevas perspectivas sobre la estructura genética de esta plaga como vector del patógeno. Los resultados mostraron que ciertos loci genéticos están asociados

con la resistencia a insecticidas, lo que sugiere una base genética compleja en la resistencia. Además, se detectaron variaciones genéticas entre diferentes poblaciones de la plaga, lo que resalta la importancia de los factores evolutivos y ecológicos en la resistencia a pesticidas. Esta información puede ser crucial para el desarrollo de estrategias de manejo más efectivas y sostenibles en el control de esta plaga.

2. Materiales y Métodos

2.1. Proceso de levantamiento de las bases de datos

El experimento se llevó a cabo en un invernadero, ubicado en la Estación Experimental Santa Catalina (EESC) del INIAP, situada en la Provincia de Pichincha, Cantón Mejía, a 3050 metros sobre el nivel del mar.

Para esta investigación, se seleccionó un grupo de genotipos de papa que conserva el PNRT-papa en su área de mejoramiento genético, los cuales incluyen, especies silvestres, variedades nativas, variedades mejoradas y clones promisoros. Estos genotipos fueron seleccionados para conocer su comportamiento de resistencia frente a la plaga. Los insectos que se utilizaron en el estudio se tomaron de una cría de *B. cockerelli*, establecida en jaulas entomológicas cubiertas con malla antiáfidos para evitar su escape y con un suministro constante de plantas como hospederos para su reproducción [18].

El procedimiento para establecer los ensayos de antibiosis se describe en el diagrama de la Figura 1, que muestra de forma esquemática el flujo de trabajo implementado, desde la selección de plantas hospederas hasta la evaluación final, incluyendo el conteo de huevos ovipositados sobre las hojas.

2.2. Selección del Diseño de Experimento (DOE) para cada una de las bases de datos recolectadas

El DOE se define como una herramienta eficaz para mejorar y optimizar procesos y productos, Su objetivo principal es identificar y cuantificar el efecto de diferentes factores sobre una respuesta de interés, minimizando la variabilidad y reduciendo la cantidad de ensayos necesarios. [25]. Para el análisis estadístico de este estudio se utilizó un Diseño Factorial Completo por cada base de datos, cada una correspondiente a un grupo de genotipos con configuraciones factoriales que varían según el número de niveles de los factores: especies silvestres (9x4), variedades mejoradas (18x3), variedades nativas (15x3) y clones (9x4 y 8x2). A continuación, se describen las configuraciones factoriales de cada base de datos:

Base 1: Especies silvestres

Factorial 9x4

X1: Genotipos (9: *Solanum acaule*, *Solanum albicans*, *Solanum albornozi*, *Solanum andreanum*, *Solanum chilliasense*, *Solanum chomatophilum*, *Solanum colombianum*, *Solanum minutifolium*, *Solanum tuberosum*)

X2: Días (4: 4, 7, 11, 14)

Y: Número de huevos

Base 2: Variedades Mejoradas

Factorial 18x3

X1: Genotipos (18: Betina, Capiro, INIAP-Carolina, INIAP-Catalina, INIAP-Cecilia, INIAP-CIP-Libertad-a, INIAP-CIP-Libertad-c, INIAP-Estela, INIAP-Fripapa, INIAP-Gabriela, INIAP-Josefina, INIAP-Natividad, INIAP-Puca shungo, INIAP-Victoria, INIAP-Yana shungo, Roja nariño, Raymipapa, Pastusa suprema)

X2: Días (3: 4, 9, 14)

Y: Número de huevo

Base 3: Variedades Nativas**Factorial 15x3**

X1: Genotipos (15: Cacho, Calvache, Carrizo, Chiwila roja, Chuacha roja, Jubaleña, Leona blanca, Leona negra, Lila shungo, Puña negra, Ratona, Tushpa, Uvilla, Guantiva, Yema de huevo)

X2: Días (3: 4, 9, 14)

Y: Número de huevos

Base 4: Clones CIP**Factorial 9x4**

X1: Genotipos (9: INIAP-CIP-Libertad, CIP 318116.16, CIP 318127.13, CIP 318112.3, CIP 318107.10, CIP 318107.30, CIP 318116.2, CIP 318132.11, CIP 318130.5)

X2: Días (4: 3, 6, 9, 12)

Y: Número de huevos

Base 5: Clones INIAP**Factorial 8x2**

X1: Genotipos (8: 12.6.29, 12.4.45, 3.72.76, 3.7.46, Superchola, 11.9.91, INIAP-Fatima, 3.72.65)

X2: Días (2: 3, 8)

Y: Número de huevos

2.3. Ejecución del DOE en software especializado

El análisis estadístico se realizó de manera independiente para cada base de datos (especies silvestres, variedades mejoradas, variedades nativas, clones CIP, clones INIAP). Se evaluaron los efectos principales de los genotipos y los días de conteo y la interacción sobre el número de huevos ovipositados. Para el análisis, se aplicó el diseño experimental factorial completo con el software Minitab. [26]. Para garantizar un enfoque analítico sólido, el tratamiento de los datos incluyó: (1) Limpieza y organización de datos: Se verificó la integridad de las bases de datos, eliminando valores atípicos y asegurando su consistencia. (2) Codificación de variables: Se estructuraron los datos en función de los factores establecidos en el diseño experimental. (3) Aplicación del análisis factorial: Se realizaron efectos principales e interacciones entre factores, lo que permitió interpretar el comportamiento de los genotipos frente al ataque del insecto.

3. Resultados y Discusión

Para cumplir con los objetivos de nuestro proyecto de investigación. Se seleccionó el diseño factorial completo debido a su capacidad para evaluar simultáneamente los efectos principales de múltiples factores y sus interacciones, esto es particularmente ventajoso en estudios agrícolas donde la respuesta biológica puede verse influenciada por la combinación de varios factores experimentales [27]. Las interacciones permiten analizar el comportamiento entre los genotipos y los tiempos de evaluación frente al ataque del insecto. Se llevó a cabo la prueba de comparación de medias por el método de Tukey con nivel de significancia de ($p \leq 0,05$) para identificar diferencias significativas entre los tratamientos, ya que es un método robusto que controla el error de Tipo I cuando se realizan múltiples comparaciones [28].

El modelo general para la comparación de genotipos muestra alta significancia (p-value <0.001) en todos los grupos

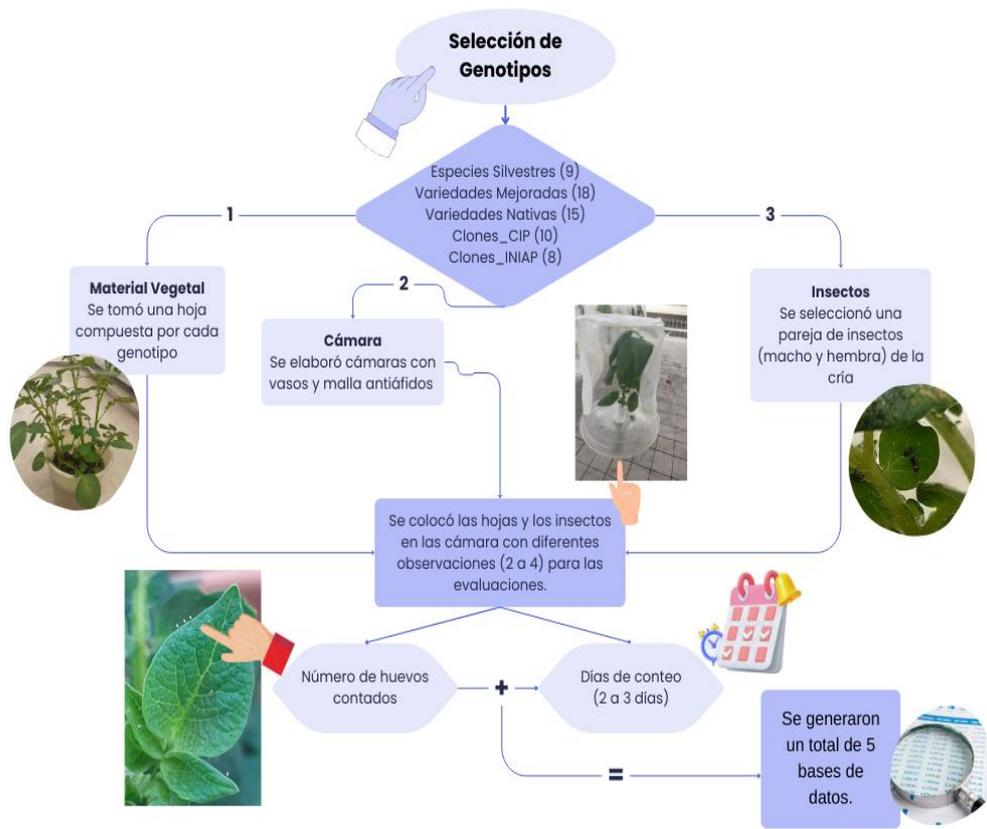


Figura 1: Diagrama del proceso de levantamiento de las bases de datos

(Tabla 1), lo que denota una diferencia de las variables analizadas entre las cinco bases de datos. Dentro del modelo, el efecto principal de los genotipos y de los días de conteo son significativos en todos los casos (p -value < 0.05), lo que indica que ambos factores influyen en las variables de respuesta analizadas. Las interacciones genotipos*días, no fueron significativas en la mayoría de los grupos (p -value > 0.05), excepto para los clones CIP (p -value = 0.022), lo que podría determinar cierta dependencia entre los genotipos y los días en este grupo específico.

Los Cuadrados Medios Ajustados (MC Ajust.) representan la variabilidad explicada por cada factor dentro del modelo, un mayor valor de los MC Ajust. indica un mayor efecto de ese factor sobre la variable de respuesta [29]. En este estudio, el factor "días de conteo" presenta los valores más altos de MC Ajust. en todos los grupos, lo que demuestra que el tiempo es un determinante clave en la oviposición de *B. cockerelli*. Los genotipos también muestran valores significativos de MC Ajust., lo que indica diferencias en la oviposición según el material genético evaluado. Sin embargo, las interacciones entre genotipos y días presentan los valores más bajos de MC Ajust., lo que confirma que esta interacción no contribuye de manera significativa a la variabilidad en el número de huevos en las bases analizadas.

Tabla 1: Análisis de varianza ajustado para distintos grupos de genotipos

Fuente y Genotipos	Silvestres		Mejoradas		Nativas		Clones_CIP		Clones_INIAP	
	p	MC	p	MC	p	MC	p	MC	p	MC
Modelo	0.000	11496	0.000	16425	0.000	18747	0.000	2236.6	0.000	10873
Lineal	0.000	35051	0.000	40084	0.000	46062	0.000	5054.7	0.006	18177
Genotipos	0.000	8421	0.003	15934	0.002	20588	0.009	2562.9	0.013	12295
Días	0.000	106064	0.000	245364	0.000	224380	0.000	11699.5	0.000	59351
Interacc. 2 términos	0.999	699	0.994	3204	0.997	3138	0.022	944.9	0.771	2526
Genotipos*Días	0.999	699	0.994	3204	0.997	3138	0.022	944.9	0.771	2526
Error		2177		6820		7803		503.6		4368

El Diagramas de Pareto ilustra los efectos de los factores sobre la variable de respuesta (Figura 2). Los resultados muestran que tanto los genotipos como los días de conteo tienen un efecto significativo en la mayoría de las especies evaluadas. Sin embargo, las interacciones entre estos factores resultan relevantes únicamente en los clones CIP. La línea de corte representa el umbral de significancia estadística determinado por un nivel de confianza de 95 % ($\alpha = 0,05$), diferenciando los efectos significativos de aquellos que no contribuyen de manera estadísticamente relevante a la variabilidad observada.

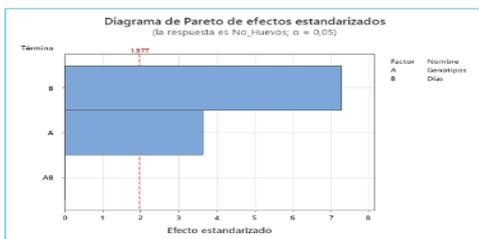


Figura 2a. Especies Silvestres

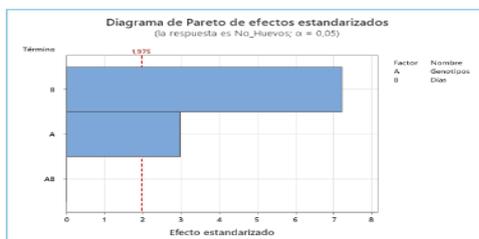


Figura 2b. Variedades Mejoradas

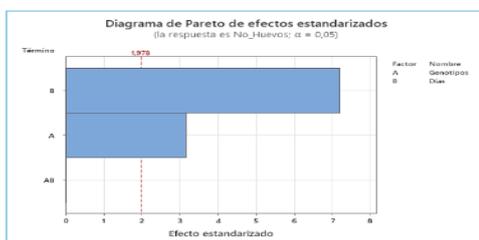


Figura 2c. Variedades Nativas

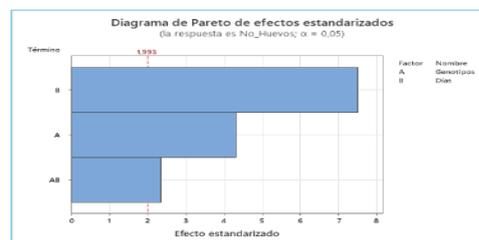


Figura 2d. Clones_CIP

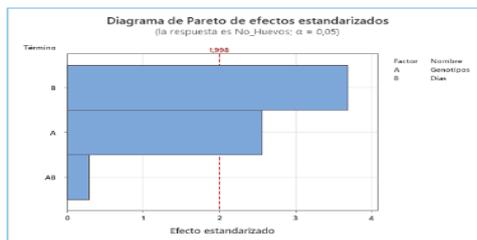


Figura 2e. Clones_INIAP

Figura 2: Diagramas de Pareto

3.1. Efecto de los genotipos y el factor días de conteo en la oviposición de B. Cockerelli

Los resultados de los coeficientes de los genotipos silvestres mostraron cómo los genotipos influyen en la cantidad de huevos (Tabla 2). *Solanum andreanum* (coef. = 33,68; $p = 0,001$) y *Solanum acaule* (coef. = 28,58; $p = 0,004$) presentaron un incremento significativo en la oviposición, con 33,68 huevos por encima del promedio general de 69,22 huevos. Por otro lado, *Solanum minutifolium* (coef. = -24,22; $p = 0,015$) mostró una reducción significativa de 24,22 huevos por debajo del promedio, este resultado indica que *S. minutifolium* posee características asociadas a una mayor resistencia al ataque de *B. cockerelli*. Los parientes silvestres de los cultivos representan un importante reservorio de diversidad genética, el cual puede aprovecharse para desarrollar variedades con resistencia mejorada a enfermedades, plagas y condiciones de estrés abiótico [30]. Un estudio en tomate (*Solanum lycopersicum*), muestra que las especies silvestres y sus injertos obtuvieron mayor resistencia al ataque de *B. cockerelli* [22].

Las variedades mejoradas INIAP-Gabriela (coef. = 99,8; $p < 0,0001$) e INIAP-Yana shungo (coef. = 56,7; $p = 0,015$) mostraron aumentos significativos en la cantidad de huevos, con 99,8 y 56,7 huevos, respectivamente, por encima del promedio general de 121,90 (Tabla 3). Por otro lado, Raymipapa (coef. = -50,7; $p = 0,030$) presentó una disminución significativa, con 50,7 huevos por debajo del promedio general. Ficiciyan et al., (2018) menciona que las variedades mejoradas pueden perder resistencia natural debido a la selección enfocada en el rendimiento y otras características agronómicas.

En los genotipos nativos, las variedades Uvilla (coef. = 81,6; p = 0,001) y Leona negra (coef. = 49,3; p = 0,047) presentaron incrementos significativos en la oviposición, con 81,6 y 49,3 huevos, respectivamente, por encima del promedio general de 130,21 (Tabla 4). Este resultado coincide con estudios previos que indican que ciertos materiales locales, aunque adaptados a condiciones agroecológicas particulares, no necesariamente han desarrollado mecanismos eficientes de resistencia a plagas debido a la falta de presión selectiva específica [30], [31]. Por otro lado, la variedad Ratona (coef. = -79,5; p = 0,002) mostró una reducción significativa, con 79,5 huevos menos que el promedio general. Esta respuesta podría estar asociada a otras características propias de la planta, como la producción de compuestos alelopáticos, tricomas glandulares o mayor espesor foliar, que han sido documentadas en otros estudios sobre resistencia de plantas a insectos [22], [32].

En los Clones (Tabla 5), el genotipo INIAP-CIP-Libertad (coef. = 35,16; p <0,001) mostró un incremento significativo, con 35,16 huevos por encima del promedio de 27,93. Por otro lado, CIP 318127.13 (coef. = -18,18; p = 0,004) mostró una disminución en la cantidad de huevos, con 18,18 huevos por debajo de la media.

Finalmente, en los clones INIAP, INIAP-Fátima (coef. = 64,6; p = 0,002) mostró un incremento significativo en la oviposición, con un aumento de 64,6 huevos por encima del promedio general de 71,19 (Tabla 6). Por otro lado, los genotipos 12.4.45 (coef. = -35,3; p = 0,076), 11.9.91 (coef. = -34,2; p = 0,085), presentaron una disminución en la oviposición, aunque no alcanzaron significancia estadística.

En la Tabla 1 los encabezados “p-value” y “MC Ajust.” fueron abreviados como p y MC.

Tabla 2: Coeficientes y valores p para genotipos y días

Término	Coef	Valor p
Constante	69,22	0,000
Genotipos		
<i>Solanum acaule</i>	28,58	0,004
<i>Solanum albicans</i>	11,08	0,262
<i>Solanum albornozii</i>	-16,67	0,092
<i>Solanum andreanum</i>	33,68	0,001
<i>Solanum chiliesense</i>	-3,02	0,759
<i>Solanum chomatophilum</i>	-10,42	0,291
<i>Solanum colombianum</i>	-1,37	0,889
<i>Solanum minutifolio</i>	-24,22	0,015
<i>Solanum tuberosum</i>	-17,62	0,075
Días		
4	-53,58	0,000
7	-27,16	0,000
11	30,27	0,000
14	50,47	0,000

Fuente. Datos generados por el Autor

Tabla 3: Coeficientes y valores p para los genotipos y días

Término	Coef	Valor p
Constante	121,90	0,000
Genotipos		
Betina	1,2	0,959
Capiro	-39,5	0,090
INIAP-Carolina	4,3	0,854
INIAP-Catalina	28,8	0,216
INIAP-Cecilia	5,8	0,801
INIAP-CIP-Libertad-a	-26,7	0,252
INIAP-CIP-Libertad-c	2,7	0,908
INIAP-Estela	-25,9	0,265
INIAP-Fripapa	2,7	0,908
INIAP-Gabriela	99,8	0,000
INIAP-Josefina	-32,2	0,167
INIAP-Natividad	20,3	0,381
INIAP-Puca shungo	8,2	0,724
INIAP-Victoria	-22,3	0,337
INIAP-Yana shungo	56,7	0,015
Roja nariño	-31,3	0,178
Raymipapa	-50,7	0,030
Pastusa	-1,8	0,938
Días		
4	-59,42	0,000
9	2,14	0,788
14	57,28	0,000

Fuente. Datos generados por el Autor

Tabla 4: Coeficientes y valores p para genotipos y días

Término	Coef	Valor p
Constante	130,21	0,000
Genotipos		
Cacho	-19,5	0,429
Calvache	20,4	0,410
Carrizo	-43,5	0,080
Chiwila roja	-25,5	0,302
Chaucha roja	-26,2	0,289
Jubaleña	-29,5	0,234
Leona blanca	-27,5	0,266
Leona negra	49,3	0,047
Lila shungo	1,8	0,942
Puña negra	25,3	0,306
Ratona	-79,5	0,002
Tushpa	9,4	0,704
Uvilla	81,6	0,001
Guantiva	42,1	0,090
Yema de huevo	21,4	0,387
Días		
4	-63,49	0,000
9	4,99	0,593
14	58,51	0,000

Fuente. Datos generados por el Autor

Tabla 5: Coeficientes y valores p para genotipos y días

Término	Coef	Valor p
Constante	27,93	0,000
Genotipos		
INIAP-CIP-Libertad	35,16	0,000
CIP 318116.16	-3,34	0,586
CIP 318127.13	-18,18	0,004
CIP 318112.3	4,32	0,481
CIP 318107.10	-6,26	0,309
CIP 318107.30	-4,01	0,514
CIP 318116.2	-7,34	0,233
CIP 318132.11	1,07	0,861
CIP 318130.5	-1,43	0,816
Días		
3	-22,70	0,000
6	-10,41	0,007
9	8,56	0,025
12	24,56	0,000

Fuente. Datos generados por el Autor

Tabla 6: Coeficientes y valores p para genotipos y días de conteo

Término	Coef	Valor p
Constante	71,19	0,000
Genotipos		
12.6.29	-7,8	0,692
12.4.45	-35,3	0,076
3.72.76	-26,5	0,180
3.7.46	31,5	0,112
Superchola	-7,0	0,722
11.9.91	-34,2	0,085
INIAP-Fatima	64,6	0,002
3.72.65	14,6	0,458
Días de conteo		
2	-27,24	0,000
8	27,24	0,000

Fuente. Datos generados por el Autor

El factor Días de conteo mostró un impacto significativo en la cantidad de huevos en todos los grupos analizados. En todos los casos, se observó una disminución importante en la oviposición, especialmente en los primeros días de conteo. Para los genotipos silvestres, el coeficiente fue de -53,58 ($p < 0,0001$) en el día 4. En las variedades mejoradas y nativas, en el día 4, los coeficientes fueron de -59,42 ($p < 0,0001$) y -63,49 ($p < 0,0001$), respectivamente. En los clones CIP, el coeficiente fue de -22,70 ($p < 0,0001$) para el día 3; mientras que en los clones INIAP, el coeficiente fue de -27,24 ($p < 0,0001$) para el día 2, lo que refleja una baja oviposición en los primeros días de contacto con el insecto. El

los días de evaluación.

El presente estudio proporciona información sobre variedades que podrían exhibir características valiosas para programas de mejoramiento genético, lo que contribuiría a la reducción del uso de pesticidas y al fortalecimiento de la seguridad alimentaria en Ecuador. Futuras investigaciones podrían enfocarse en caracterizar los mecanismos bioquímicos y moleculares subyacentes a la resistencia observada, así como en validar la eficacia de estos genotipos en condiciones de campo.

Luego de un extenso proceso analítico se decidió utilizar para nuestro proyecto de investigación el enfoque de diseño de experimentos, específicamente Diseño Factorial Compuesto, debido a la naturaleza de los datos con los cuales se contaban en este experimento, la implementación del diseño factorial se realizó en el Software MINITAB versión 19.1 y los datos fueron recopilados durante los años 2023-2024 en ensayos realizados por el PNRT-papa del INIAP bajo condiciones de invernadero localizado en la EESC en el cantón Mejía, Ecuador. Todo lo anterior garantiza que esta investigación pueda replicarse y analizarse en cualquier momento y en cualquier lugar por otros grupos de investigación que se encuentren interesados en esta temática.

5. Agradecimiento

Los autores agradecen al Programa Nacional de Raíces y Tubérculos (PNRT) del Instituto Nacional de Investigaciones Agropecuarias (INIAP) por el apoyo técnico y logístico brindado durante la ejecución de este estudio. Asimismo, expresamos nuestra gratitud a los docentes de la Universidad Politécnica Estatal del Carchi (UPEC) por su valiosa contribución en la enseñanza y orientación para el análisis de datos, fundamentales para el desarrollo de esta investigación.

Referencias

- [1] S. Zhang, “Melatonin attenuates potato late blight by disrupting cell growth, stress tolerance, fungicide susceptibility and homeostasis of gene expression in phytophthora infestans»,” *Front. Plant Sci*, no. vember, pp. 1–19,.
- [2] I. Samaniego, “Analysis of environmental conditions effect in the phytochemical composition of potato (solanum tuberosum) cultivars»,” *Plants*, vol. 9, n.o 7, pp. 1–13,.
- [3] E.S.P.A.C., “Espac»,” en línea]. Disponible en: [Online]. Available: <https://www.ecuadorencifras.gob.ec/estadisticas-agropecuarias-2/>
- [4] D. Duque and D. Fierro, “Hábitos de consumo de la papa en los hogares de la ciudad de quito»,” *Cienc. ergo-sum*, vol. 32,.
- [5] H. Andrade and J. Ortega, “Estado de arte del cultivo de papa para el consumo de papa prefrita congelada (ppfc) en el ecuador.»,” *Rev. Latinoam. la Papa*, vol. 25, n.o 2, pp. 42–57,.
- [6] K. Dahal, X. Li, H. Tai, A. Creelman, and B. Bizimungu, “Improving potato stress tolerance and tuber yield under a climate change scenario – a current overview»,” *Front. Plant Sci*, vol. 10, n.o May,.
- [7] T. Mohanta, T. Bashir, A. Hashem, and E. Allah, “Systems biology approach in plant abiotic stresses»,” *Plant Physiol. Biochem*, vol. 121, n.o July, pp. 58–73,.
- [8] C. Carrillo, Z. Fu, and D. Burckhardt, “First record of the tomato potato psyllid bactericera cockerelli from south america»,” *Bull. Insectology*, vol. 72, n.o 1, pp. 85–91,.
- [9] J. Berdúo, J. Ruiz, L. Méndez, L. Mejía, D. Maxwell, and A. Sánchez-Pérez, “Detección de patógenos asociados a la enfermedad punta morada en los cultivos de pape y tomate en guatemala»,” *Ciencia, Tecnol. y Salud*, vol. 7, n.o 2, pp. 205–217,.
- [10] A. Hansen, J. Trumble, R. Stouthamer, and T. Paine, “A new huanglongbing species, “candidatus liberibacter psyllauros»,” found to infect tomato and potato, is vectored by the psyllid bactericera cockerelli (sulc)»,” *Appl. Environ. Microbiol*, vol. 74, n.o 18, pp. 5862–5865,.
- [11] G. Giaccaglia, C. Carrillo, F. Pacini, and A. Bertaccini, “Phloem limited bacteria in potato with purple top disease and in bactericera cockerelli in ecuador»,” *Phytopathogenic Mollicutes*, vol. 14, n.o 1, pp. 31–42,.
- [12] S. Mishra and M. Ghanim, “Interactions of liberibacter species with their psyllid vectors: Molecular, biological and behavioural mechanisms»,” *Int. J. Mol. Sci*, vol. 23, n.o 7,.
- [13] J. Vereijssen, “Bactericera cockerelli (tomato/potato psyllid)»,” *CABI Compendium*, 2022, iD: cabicompendium.45643. [Online]. Available: <https://www.cabicompendium.org/45643>
- [14] F. Workneh, J. Trees, L. Paetzold, I. Badillo-vargas, and C. Rush, “Impact of ‘ candidatus liberibacter solanacearum ’ haplotypes on sprout emergence and growth from infected seed tubers»,” *Crop Prot*, vol. n.o October, pp. 105 462,.
- [15] I. Navarrete, C. Almekinders, J. Andrade-Piedra, and P. Struik, “Efforts of researchers and other stakeholders to manage an unfolding epidemic: Lessons from potato purple top in ecuador»,” *NJAS Impact Agric. Life Sci*, vol. 95, n.o 1,.
- [16] J. T. Stillson, E. H. Bloom, and Z. Llán, “A novel plant pathogen management tool for vector management»,” *Pest Manag. Sci*, vol. 76, n.o 11, pp. 0–2, [Online]. Available: <https://doi.org/10.1002/ps.5922>.
- [17] A. Roque, M. Beltrán, Y. Ochoa, and J. Delgado, “Parámetros poblacionales de bactericera cockerelli en plantas de tomate tratadas con menadiona»,” *Rev. Mex. Ciencias Agrícolas*, vol. 15, n.o 4, pp. 3349,.
- [18] A. Szczepaniec, K. Varela, M. Kiani, L. Paetzold, and C. Rush, “Incidence of resistance to neonicotinoid insecticides in bactericera cockerelli across southwest u.s.»,” *Crop Prot*, no. vember, pp. 188–195,.

- [19] M. Kiani, Z. Fu, and A. Szczepaniec, “ddrad sequencing identifies pesticide resistance-related loci and reveals new insights into genetic structure of bactericera cockerelli as a plant pathogen vector»,” *Insects*, vol. 13, n.o 3.
- [20] M. Cuesta and R. J. X., “Mejoramiento genético de papa : Conceptos , procedimientos , metodologías y protocolos.”
- [21] D. Fravel, “Role of antibiosis in the biocontrol of plant diseases*»,” *Annu. Rev. Phytopathol*, vol. 26, n.o 1, pp. 75–91,.
- [22] H. Cortez, “Resistencia a insectos de tomate injertado en parientes silvestres, con énfasis en bactericera cockerelli sulc,” *Bioagro*, vol. 22, n.o 1, pp. 11–16,. [Online]. Available: ([hemiptera](#):
- [23] E. Cerna, Y. Ochoa, L. Aguirre, M. Flores, and J. Landeros, “Determination of insecticide resistance in four populations of potato psillid bactericera cockerelli (sulc.) (hemiptera: Triozidae)»,” *Phyton-International J. Exp. Bot*, vol. 82, n.o 1923, pp. 63–68,.
- [24] J. Levy and C. Tamborindeguy, “Solanum habrochaites, a potential source of resistance against bactericera cockerelli (hemiptera: Triozidae) and “candidatus liberibacter solanacearum”»,” *J. Econ. Entomol*, vol. 107, n.o 3, pp. 1187–1193,.
- [25] L. Ilzarbe, M. Tanco, E. Viles, and M. J. Alvarez Sanchez Arjona, “Ei diseño de experimentos como herramienta para la mejora de los procesos. aplicación de la metodología al caso de una catapulta: Design to experiments as a tool for process improvement,” *Methodology Applied to a Catapult*, *Tecnura*, vol. 10, pp. 127–138,.
- [26] S. Arnold, “Design of experiments with minitab.”
- [27] J. Box, H. G., W., and Hunter, “Statistics for experimenters».”
- [28] J. Hsu, *Multiple Comparisons*, vol. 7, n.o 2.
- [29] L. B., “La esperanza del cuadrado medio»,” *Rev. Colomb. Ciencias Pecu*, vol. 20, n.o 2, pp. 193–201,.
- [30] R. Fonseka, H. Fonseka, and K. Abhyapala, “Crop wild relatives: An underutilized genetic resource for improving agricultural productivity and food security»,” *Agric. Res. Sustain. Food Syst. Sri Lanka*, vol. 2, pp. 11–38,.
- [31] A. Ficiciyan, J. Loos, S. Sievers-Glotzbach, and T. Tschardtke, “More than yield: Ecosystem services of traditional versus modern crop varieties revisited»,” *Sustain*, vol. 10, n.o 8, pp. 1–15,.
- [32] A. Rashed, “Postharvest development of ‘ candidatus liberibacter solanacearum’ in late-season infected potato tubers under commercial storage conditions»,” *Plant Dis*, vol. 102, n.o 3, pp. 561–568,.