



## Identificación de clones de papa con pulpa pigmentada de alto rendimiento comercial y mejor calidad de fritura: Estabilidad y análisis multivariado de la interacción genotipo-ambiente

### Identification of pigmented-fleshed potato clones of high marketable yield and better frying quality: Stability and multivariate analysis of genotype-environment interaction

Roberto Tirado-Lara<sup>1,\*</sup> ; Roberto Tirado-Malaver<sup>2</sup> ; Egma Mayta-Huatuco<sup>3</sup> ; Walter Amoros-Briones<sup>4</sup> 

<sup>1</sup> Facultad de Agronomía, Universidad Nacional Pedro Ruíz Gallo, Av. Juan XXIII N° 391, Lambayeque, Peru.

<sup>2</sup> Escuela Profesional de Agronomía, Facultad de Ingeniería Agrarias, Industria Alimentarias y Ambientales, Universidad Nacional José Faustino Sánchez Carrión, Av. Mercedes Indacochea N° 609, Huacho, Peru.

<sup>3</sup> Laboratorio de virología clínica molecular, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Lima, Peru.

<sup>4</sup> Centro Internacional de la Papa – CIP, Av. La Molina 1895, Lima, Peru.

Received February 25, 2020. Accepted June 17, 2020.

#### Resumen

En la presente investigación se analizaron diecinueve clones avanzados de papa con pulpa pigmentada, en dos localidades productoras de papa en Cajamarca, Perú, durante dos campañas agrícolas, mediante el análisis combinado de varianza, el modelo de efectos principales aditivos e interacción multiplicativa (AMMI) y el análisis Biplot, para analizar la interacción genotipo-ambiente (IGA), con el objeto de seleccionar clones con alta estabilidad del rendimiento comercial y calidad. El análisis multivariado demostró diferencias para los efectos principales de genotipos, ambientes y la IGA. El cual afirma que la constitución genética de cada clon y el medio ambiente influyeron sobre el rendimiento comercial y color de fritura debido al carácter poligénico que rigen estas características. Los resultados identificaron al clon CIP 302299.28 de pulpa roja y crema, y piel roja con baja IGA, lo que indica ser un clon estable y de alto rendimiento comercial con 31,8 t ha<sup>-1</sup> y escala de 2 en el color de fritura, obteniendo una mejor respuesta a la variación ambiental. Seguido por el clon CIP 302281.17 de pulpa y piel amarilla quien presentó estabilidad de rendimiento comercial con 32 t ha<sup>-1</sup> y 2,2 de color de fritura. Asimismo, el clon CIP 302280.23 de pulpa y piel violeta reportó un rendimiento comercial de 33 t ha<sup>-1</sup>, y 1,7 en la escala de color de fritura, obteniendo estabilidad en calidad, siendo un clon para la industria del procesamiento en tiras, hojuelas y otros derivados. Por lo tanto, estos clones son seleccionados para una amplia producción en Cajamarca.

**Palabras clave:** ambiente; clon; pulpa pigmentada; análisis multivariado; varianza.

#### Abstract

In the present research, nineteen advanced potato clones with pigmented-fleshed were analyzed in two potato-producing localities in Cajamarca, Peru, during two agricultural seasons, by means of the combined analysis of variance, the model of additive main effects and multiplicative interaction (AMMI) and the Biplot analysis, to analyze the genotype-environment interaction (GEI), in order to select clones with high stability of marketable yield and quality. Multivariate analysis showed differences for the main effects of genotypes, environments and GEI. Which states that the genetic makeup of each clone and the environment influenced the marketable yield and frying color due to the polygenic character that governs these characteristics. The results identified the CIP clone 302299.28 with red and cream fleshed and red skin with low IGA, which indicates that it is a stable clone with high commercial yield with 31.8 t ha<sup>-1</sup> and a scale of 2 in the frying color, obtaining a better response to environmental variation. Followed by CIP clone 302281.17 with fleshed and yellow skin, which showed commercial yield stability with 32 t ha<sup>-1</sup> and 2.2 of frying color. Likewise, CIP clone 302280.23 of fleshed and violet skin reported a marketable yield of 33.0 t ha<sup>-1</sup>, and 1.7 on the frying color scale, obtaining quality stability, being a clone for the processing industry in strips, flakes and other derivatives. Therefore, these clones are selected for wide production in Cajamarca.

**Keywords:** environment; clone; pigmented-fleshed; multivariate analysis; variance.

#### Cite this article:

Tirado-Lara, R.; Tirado-Malaver, R; Mayta-Huatuco, E; Amoros-Briones, W. 2020. Identificación de clones de papa con pulpa pigmentada de alto rendimiento comercial y mejor calidad de fritura: Estabilidad y análisis multivariado de la interacción genotipo-ambiente. Scientia Agropecuaria 11(3): 323-334.

\* Corresponding author  
E-mail: [tiradolararoberto@gmail.com](mailto:tiradolararoberto@gmail.com) (R. Tirado-Lara).

## 1. Introducción

El cultivo de papa (*Solanum tuberosum* L.) es de suma importancia a nivel mundial. La producción de papa en costa y sierra en el Perú es generalmente de pulpa blanca, para el consumo fresco, los de pulpa pigmentada son variedades nativas, cultivadas y preservadas por pequeños agricultores, en zonas muy localizadas de la sierra, los de pulpa amarilla llega al mercado esporádicamente y en baja cantidad. El color de piel y pulpa de las variedades nativas son amarillo, azul, violeta, rojo, negro, crema y bicolor (Tirado et al., 2018). Por su pigmentación estas variedades poseen una rica fuente de antocianinas (Eichhorn y Winterhalter, 2005). Es decir, una fuente importante de antioxidantes naturales que tienen un efecto beneficioso en la salud humana (Brown, 2005). Las variedades nativas de pulpa pigmentada amarilla han sido utilizadas en mínima cantidad como progenitores de las variedades liberadas comercialmente, más no los de pulpa violeta, los consumidores no tenían interés debido a su color poco atractivo de su pulpa, sin embargo, en la actualidad han ganado importancia en términos de nutrición para la salud y cada vez son más buscadas y recomendadas como un alimento saludable (Pazderu et al., 2015).

Las variedades comerciales actuales de papa en el Perú presentan una baja productividad, han perdido su resistencia a las plagas, enfermedades y virus, lo cual provoca el uso masivo e indiscriminado de pesticidas para su respectivo control, en consecuencia, afecta la salud de los consumidores, contamina el medio ambiente y aumentan los costos de producción. Además, la mayoría de estas variedades no cuentan con características de calidad industrial para su procesamiento (Lara y Malaver, 2019). Los programas de mejoramiento genético de la papa se encargan de producir variedades estables, con alto rendimiento comercial y de calidad, con el objeto de satisfacer las demandas del mercado para el consumo fresco y de la agroindustria (Vásquez et al., 2019). Sin embargo, el desarrollo de nuevos genotipos con alto rendimiento y un nivel aceptable de estabilidad es una tarea onerosa (Ajay, 2020). Debido a que el rendimiento es un carácter de naturaleza cuantitativa y como tal, está fuertemente influenciado por el ambiente (Silveira et al., 2013). Además, el rendimiento es un resultado combinado del genotipo (G) de la variedad, el ambiente (A) y la interacción entre el genotipo y el ambiente (IGA) (Sharifi et al., 2017). La IGA provoca un problema para los fitomejoradores, debido al comportamiento

heterogéneo de los genotipos. Por lo que, el estudio de IGA permite evaluar la variación que presentan los genotipos en diferentes ambientes (Esuma et al., 2016). Por lo tanto, comprender esta interacción es esencial para la selección y liberación de variedades estables y de alto rendimiento (Ngailo et al., 2019; Xavier et al., 2018). El genotipo, el ambiente y su interacción, no se puede explicar de forma independiente. Por lo tanto, se han desarrollado varios métodos estadísticos para analizarlos (Agahi et al., 2020).

El análisis multivariado es un método estadístico alternativo y complementario para explicar la IGA y estimar la estabilidad de los genotipos (Bassa et al., 2019). Para ello, se utilizan con frecuencia el modelo de efectos principales aditivos e interacción multiplicativa (AMMI) y el análisis Biplot (Tena et al., 2019). El modelo AMMI combina el análisis de varianza (ANOVA) para estimar los principales efectos del genotipo y el medio ambiente. El otro es el análisis de componentes principales (CP), el cual es usado para explicar los patrones en la IGA que proporciona un modelo multiplicativo y estima la estabilidad. Siendo, la recomendación de los genotipos más precisa (Sharifi et al., 2017).

Cabe resaltar que los caracteres de rendimiento y calidad para el procesamiento representa los efectos combinados del genotipo, ambiente y la IGA. Por el cual, el método estadístico multivariada conocido como análisis Biplot considera solo los efectos del genotipo y de la IGA para la evaluación de las variedades. Siendo los ejes gráficos de dicho análisis los cuales tienen la capacidad de discriminación y representatividad a través de los dos primeros componentes principales del análisis multivariado, representando la mayor parte de la variación y lograr seleccionar genotipos estables, de alto rendimiento comercial y de calidad (Xu et al., 2014). No obstante, la capacidad de discriminación depende de varios factores que son estáticos (o autóctonos, como el tipo de suelo) o dinámicos (como la presión de las plagas) (Goksoy et al., 2019).

Esta situación sugiere la necesidad del desarrollo de nuevas variedades estables, de alto rendimiento comercial y calidad para el procesamiento y con propiedades benéficas nutricionales lo que demandan los consumidores de hoy en día. Por estas razones el objetivo del presente trabajo fue de (i) evaluar el efecto de la interacción de clones avanzados de papa con pulpa pigmentada en diversos ambientes y (ii) seleccionar los clones con mayor estabilidad de rendimiento de tubérculos comerciales y por calidad de fritura en Cajamarca, Perú.

## 2. Materiales y métodos

### Área de estudio

El presente trabajo de investigación se llevó a cabo en dos localidades productoras de papa del departamento de Cajamarca, Perú, durante dos campañas agrícolas. Cabe señalar que cada prueba realizada en una localidad y campaña representó un ambiente de evaluación. En la localidad de Llama ubicada en la provincia de Chota, con coordenadas geográficas 6°30'14.65" Latitud Sur, 79°03'29.94" Longitud Oeste, y una altitud de 2746 msnm. Las evaluaciones se establecieron durante la campaña agrícola (2015-2016) correspondiente al Ambiente 1 y campaña agrícola (2016 - 2017) correspondiente al Ambiente 3. En la localidad de Chaquil ubicada en el Valle de Cutervo, con coordenadas geográficas 6°23'44.83" Latitud Sur, 78°50'32.66" de longitud oeste y a una altitud de 2 596 msnm. Las evaluaciones en esta localidad se establecieron durante la campaña agrícola (2015 - 2016) correspondiente al Ambiente 2 y campaña agrícola (2016 - 2017) correspondiente al Ambiente 4. Lo que resultó en cuatro ambientes evaluados (Combinación de localidades y campañas agrícolas). En tanto las características del suelo y la precipitación pluvial de las localidades evaluadas se muestran en la [Tabla 1](#).

**Tabla 1**

Características del suelo y precipitación anual de las localidades evaluadas

Localidad	Suelo (textura)	Materia orgánica	Precipitación anual (mm)	pH
Chaquil-Cutervo	Franco arcilloso	2,82	720	6,5
Llama-Chota	Franco arcilloso limoso	2,63	825	6,3

### Material vegetal

Se evaluaron diecinueve genotipos avanzados mejorados de pulpa pigmentada procedentes del Centro Internacional de la papa: "CIP 302278.28, CIP 302296.21, CIP 302301.19, CIP 302281.17, CIP 302306.33, CIP 302281.25, CIP 302305.46, CIP 302304.15, CIP 302295.32, CIP 302293.22, CIP 302288.42, CIP 302289.41, CIP 302288.14, CIP 302299.28, CIP 302288.33, CIP 302282.28, CIP 302281.52, CIP 302280.21, CIP 302280.23" y una variedad comercial "Amarilis INIA".

Las variables estudiadas fueron; rendimiento comercial y determinación de calidad de los clones avanzados.

### Rendimiento comercial

Para evaluar este parámetro se extrajo los tubérculos de cada planta en todos los tratamientos del estudio, luego se seleccionaron los tubérculos con diámetro mayor a 3

cm (tamaño de tubérculo comercial) posteriormente, los tubérculos seleccionados se pesaron usando una balanza analítica.

### Determinación de calidad

**Color de la fritura:** La evaluación de este parámetro consistieron en coleccionar los tubérculos cosechados de cada localidad y luego se llevaron al Laboratorio de Mejoramiento Genético del Centro Internacional de la papa-CIP. Los tubérculos se cortaron en forma de hojuelas o chips, se lavaron y se introdujeron a una freidora de papa que tiene una canasta de metal con aceite caliente a temperatura de 180 °C, durante 2,5 min. Luego se determinó el color de las hojuelas fritas ([Figura 1](#)), asignándoles el color de acuerdo con la escala subjetiva de colores, del Centro Internacional de la Papa, siendo este: (1): Blanco o amarillo cremoso, (2): Blanco o amarillo cremoso con muy poca presencia de oscuridad. manchas, (3): amarillo cremoso con baja presencia de manchas oscuras, (4): amarillo cremoso con tendencia a oscurecerse y (5): totalmente oscuro.



**Figura 1.** Escala subjetiva de colores, del Centro Internacional de la Papa.

### Análisis estadístico

Se realizó el análisis combinado de varianza para analizar el rendimiento comercial de los componentes principales y su interacción en cada ambiente.

En cada experimento se realizó el análisis combinado de varianza. Para tal efecto, se utilizó el mismo modelo estadístico en cada ambiente, considerando una aleatorización diferente para cada experimento. El modelo estadístico se presenta en la [ecuación \(1\)](#).

$$Y_{ijk} = \mu + A_j + L_k + (AL)_{jk} + R_m(jk) + T_i + (TA)_{ij} + (TL)_{ik} + (TAL)_{ijk} + e_{ijk} \quad (1)$$

Dónde:  $Y_{ijk}$  = Valor observado correspondiente al  $i$ -ésimo tratamiento, con el  $j$ -ésimo año, en el  $k$ -ésimo localidad y  $m$ -ésima repetición;  $\mu$  = efecto de la media, constante general para todas las observaciones;  $A_j$  = efecto del  $j$ -ésimo año;  $L_k$  = efecto de la  $i$ -ésima localidad;  $(AL)_{jk}$  = efecto de la interacción de la  $j$ -ésimo año con la  $k$ -ésima localidad;  $R_m(jk)$  = efecto del  $m$ -ésima repetición;  $T_i$  = efecto del  $i$ -ésimo tratamiento;  $(TA)_{ij}$  = efecto de la interacción de la  $i$ -ésimo

tratamiento con el  $j$ -ésimo año;  $(TL)_{ik}$  = efecto de la interacción de la  $i$ -ésimo tratamiento con la  $k$ -ésima localidad;  $(TAL)_{ijk}$  = efecto de la interacción de la  $i$ -ésimo tratamiento con el  $j$ -ésimo año y la  $k$ -ésimo localidad;  $E_{ijk}$  = error experimental.

Por último, para los análisis de estabilidad fenotípica se utilizó usando el Modelo de efectos principales aditivos e interacción multiplicativa (AMMI), el cual explica inicialmente los efectos principales de genotipos y ambientes mediante un análisis de varianza convencional y describe la parte de la IGA por medio de un análisis multivariado de componentes principales (CPI, CP2, CPn). A partir del primer componente principal el modelo AMMI genera un gráfico de dos dimensiones (biplot), en el que se pueden observar las diferencias entre ambientes, el grado de interacción de los genotipos con el ambiente, la estabilidad y las adaptaciones específicas de algunos genotipos a determinados ambientes (Vargas y Crossa, 2000). El modelo estadístico se presenta en la ecuación (2).

$$Y_{ij} = \mu + g_i + e_j + \sum_{k=1}^p \lambda_k \gamma_{ik} \alpha_{jk} + \varepsilon_{ij} \quad (2)$$

Dónde  $Y_{ij}$ : es el rendimiento del  $i$ -ésimo genotipo en el  $j$ -ésimo ambiente. Los parámetros aditivos son:  $\mu$ : media general;  $g_i$ : Efecto del  $i$ -ésimo genotipo;  $e_j$ : Efecto del  $j$ -ésimo ambiente;  $\lambda_k$ : Valor propio del componente principal  $k$ ;  $\gamma_{ik} \alpha_{jk}$ : Valor del componente principal  $k$  de genotipo y localidad;  $\varepsilon_{ij}$ : Error experimental.

El análisis estadístico combinado y AMMI fueron realizados con el paquete estadístico SAS (Statistical Analysis System) (SAS, 2003).

### 3. Resultados y discusión

#### Rendimiento comercial de la papa

#### Análisis combinado de varianza para el rendimiento comercial de la papa

El análisis de varianza combinado muestra diferencias altamente significativas para el factor de variación años ( $p = 0,0059$ ), localidad ( $p < 0,001$ ) y clones ( $p < 0,001$ ), asimismo, se observan diferencias altamente significativas, para la interacción años por localidades ( $p < 0,001$ ), año por clones ( $p < 0,001$ ), clones por localidad ( $p < 0,001$ ) y para la interacción años por clones por localidad ( $p < 0,001$ ). El coeficiente de variación (CV) para el rendimiento comercial fue bajo con 11,09% lo que indica una buena precisión experimental en condiciones de campo. El promedio general fue de 31,1 t ha<sup>-1</sup>.

Los resultados del análisis de varianza combinado revelaron que los clones avanzados de papa varían entre las localidades y en los años evaluados, esto quiere decir que entre las localidades presentan condiciones climáticas, suelo y precipitación pluvial diferentes, en cuanto al factor años, existe diferencias debido a que los elementos climáticos difieren año tras año. Asimismo, la constitución genética de cada clon se expresa de acuerdo con las condiciones de la localidad y de los diferentes años. Esta alta variación podría deberse a la variabilidad del suelo y la precipitación de las localidades de Chacuil y de LLama. Vásquez et al. (2019) señalan que, en la Región Cajamarca, existe alta heterogeneidad en las localidades, entre años y en la interacción de ambos, siendo una alternativa de solución, la selección de genotipos con estabilidad y de alto rendimiento.

Resultado que es confirmado por Tirado et al. (2018) quienes evaluando la interacción genotipo por ambiente en Cajamarca, indican que los genotipos no tienen el mismo comportamiento en las localidades, sino que reaccionan de diferente manera respecto a las condiciones ambientales generadas en cada localidad y años, y estas son determinantes para la producción de tubérculos. De la misma manera es confirmado por Maharana et al. (2017) quienes indican que algunos genotipos pueden funcionar bien en ciertos ambientes, y en otros ambientes pueden fallar o no mostrar su potencial debido a las condiciones de dichos ambientes que limitan su expresión.

La prueba de Duncan al 5% (Tabla 2), presentó al clon CIP 302281.25 con el mayor valor de rendimiento comercial en el ambiente uno con promedio de 38,5 t ha<sup>-1</sup>. Mientras que en el ambiente dos el clon CIP 302288.14 alcanzó el rendimiento comercial más alto con 37,4 t ha<sup>-1</sup>. En el ambiente tres el más sobresaliente fue el clon CIP 302281.52 y en el ambiente cuatro el clon que destacó fue el CIP 302280.23 con promedios de 39,1 y 43,4 t ha<sup>-1</sup>, respectivamente. En cuanto la comparación de promedios según Duncan al 5% de probabilidades, para el combinado (Tabla 3), la prueba reportó al clon CIP 302296.21 con el rendimiento comercial más alto con un promedio de 39,0 t ha<sup>-1</sup> junto al clon CIP 302281.52 con 38,9 t ha<sup>-1</sup>, es superior estadísticamente a los otros clones. Seguido por tres grupos con promedios estadísticamente homogéneos. El primer grupo destacan los clones CIP 302281.25 y el CIP 302278.28 con rendimientos comerciales de 36,5 y 34,5 t ha<sup>-1</sup>. El segundo grupo consta de 5 clones (CIP 302280.23, el CIP 302301.19, el CIP

302281.17, CIP 302299.28 y el clon CIP 302288.14) cuyos rendimientos comerciales oscilan entre 33.0 y 31.8 t ha<sup>-1</sup>. En el tercer grupo se encuentra la variedad comercial Amarilis INIA, el clon CIP 302304.15, CIP 302305.46, CIP 302288.33, CIP 302289.41, CIP 302306.33 y el clon CIP 302295.32, con rendimientos comerciales que varía entre 30,9 y 28,7 t ha<sup>-1</sup>. En el último grupo, se encontraron cuatro clones: CIP 302282.28, CIP 302280.21, CIP 302288.42 y el CIP 302293.22 cuyos rendimientos comerciales oscilan entre 27,6 y 24,7 t ha<sup>-1</sup>, respectivamente.

Estos resultados indican que la variación entre los genotipos en los diferentes ambientes se debe a la influencia del suelo, temperatura, precipitación, radiación, calidad de la semilla tubérculo de la papa, presión de las plagas y el manejo agronómico, quienes influyen en el crecimiento, el rendimiento y calidad de la papa. Confirmando lo señalado por Tirado-Lara y Tirado-Malaver (2018) quienes indican que la expresión del potencial genético de los parámetros biométricos de clones avanzados de papa de-

pende de las condiciones favorables del ambiente. En ese sentido Ajay et al. (2020) sostienen que los genes no pueden expresar todo su potencial si no tiene el medio ambiente adecuado y tampoco la manipulación del ambiente hará que se desarrolle su máximo potencial. Resultados se asemejan a lo reportado por Gedif y Yigzaw (2014) quienes encontraron que el rendimiento comercial de genotipos probados a lo largo de los años y localidades varió de 18,78 t ha<sup>-1</sup> en el clon CIP 395011.2 a 25,66 t ha<sup>-1</sup> en el clon CIP 396004.337.

Con respecto al rendimiento comercial alto obtenido por los genotipos CIP 302296.21 y CIP 302281.52, se debe, probablemente, a los altos valores alcanzados en los componentes del rendimiento y a su gran capacidad de adaptación, sin embargo, esto no quiere decir que sean los más estables. Por lo tanto, es necesario realizar el análisis de la IGA mediante el uso del AMMI. En ese sentido Khalil et al. (2011) sostienen que, si la IGA es significativa, se deben considerar cuidadosamente su causa, naturaleza e implicaciones.

**Tabla 2**

Medias y prueba de Duncan al 5% del combinado para el rendimiento comercial (t ha<sup>-1</sup>) de los clones avanzados de papa evaluados en cuatro ambientes

Ambiente 1		Ambiente 2		Ambiente 3		Ambiente 4		Combinado	
Clon	Media	Clon	Media	Clon	Media	Clon	Media	Clon	Media
CIP 302281.25	38,5 a <sup>1</sup>	CIP 302288.14	37,4 a	CIP 302281.52	39,1 a	CIP 302280.23	43,4 a	CIP 302296.21	39,0 a <sup>1</sup>
CIP 302280.23	38,2 ab	CIP 302281.25	37,2 ab	CIP 302280.23	37,9 ab	CIP 302281.52	42,0 ab	CIP 302281.52	38,9 a
CIP 302281.52	38,0 ab	CIP 302301.19	37,0 ab	CIP 302296.21	37,1 ab	Amarilis INIA	40,8 abc	CIP 302281.25	36,5 b
CIP 302288.33	36,6 abc	CIP 302281.52	36,8 abc	CIP 302281.25	35,7 abc	CIP 302278.28	40,2 abcd	CIP 302278.28	34,5 bc
CIP 302305.46	34,8 abcd	CIP 302280.23	36,6 abc	CIP 302306.33	35,3 abcd	CIP 302304.15	37,1 abcde	CIP 302280.23	33,0 cd
CIP 302288.14	33,6 abcde	Amarilis INIA	35,1 abcd	CIP 302278.28	34,2 bcd	CIP 302281.17	35,4 bcdef	CIP 302301.19	32,3 cde
CIP 302304.15	33,3 abcde	CIP 302293.22	34,3 abcs	CIP 302299.28	31,9 cde	CIP 302281.25	34,6 bcdef	CIP 302281.17	32,0 cdef
CIP 302301.19	33,1 bcdef	CIP 302288.42	33,9 abcd	CIP 302281.17	31,5 de	CIP 302288.14	34,3 bcdef	CIP 302299.28	31,9 cdefg
CIP 302296.21	31,7 bcdef	CIP 302288.33	32,6 abcd	CIP 302301.19	29,7 e	CIP 302305.46	34,2 bcdef	CIP 302288.14	31,8 cdefg
CIP 302278.28	31,5 bcdef	CIP 302299.28	32,4 bcd	CIP 302305.46	29,5 e	CIP 302289.41	34,1 bcdef	Amarilis INIA	30,9 defg
CIP 302299.28	31,0 cdefg	CIP 302278.28	32,0 cd	CIP 302282.28	29,2 e	CIP 302306.33	32,8 cdef	CIP 302304.15	30,6 defgh
CIP 302281.17	29,9 defghi	CIP 302296.21	31,9 cd	CIP 302295.32	28,3 e	CIP 302299.28	32,0 cdef	CIP 302305.46	30,5 defgh
CIP 302295.32	27,7 defghi	CIP 302295.32	31,4 d	CIP 302304.15	27,9 e	CIP 302282.28	31,4 def	CIP 302288.33	29,3 defghi
CIP 302289.41	27,6 defghi	CIP 302281.17	31,3 d	CIP 302289.41	23,7 f	CIP 302296.21	31,4 def	CIP 302289.41	28,7 fghi
Amarilis INIA	27,4 efghi	CIP 302289.41	30,5 d	CIP 302280.21	22,3 f	CIP 302288.33	30,6 efg	CIP 302306.33	28,7 ghi
CIP 302280.21	26,6 fghi	CIP 302280.21	26,1 e	CIP 302288.14	21,6 f	CIP 302280.21	29,8 efg	CIP 302295.32	28,7 ghi
CIP 302306.33	24,4 fghi	CIP 302282.28	25,7 e	CIP 302293.22	21,4 f	CIP 302301.19	29,5 efg	CIP 302282.28	27,6 hij
CIP 302288.42	24,4 ghi	CIP 302304.15	24,4 e	CIP 302288.42	20,7 fg	CIP 302295.32	27,3 fgh	CIP 302280.21	26,2 ij
CIP 302282.28	24,1 hi	CIP 302305.46	23,4 e	Amarilis INIA	20,3 fg	CIP 302288.42	22,6 gh	CIP 302288.42	25,4 j
CIP 302293.22	23,0 i	CIP 302306.33	21,9 e	CIP 302288.33	17,3 g	CIP 302293.22	20,0 h	CIP 302293.22	24,7 j

<sup>1</sup>Valores con la misma letra en la misma hilera son iguales de acuerdo con la prueba de Duncan a una p ≤ 0,05.

**Tabla 3**

Análisis de varianza AMMI del rendimiento comercial de clones avanzados de papa con pulpa pigmentada

Fuente de variación	Grados de libertad	Suma de cuadrados	Cuadrados medios CM	Suma de cuadrados (%)	Suma de cuadrados Acumulado (%)
Ambientes	3	611,98	203,99**	60,37	60,37
Genotipos	19	3604,86	189,73**	10,52	70,89
Interacción G X A	57	3672,62	64,43**	29,11	100,00
CP1	21	6081,06	289,57**	55,09	55,09
CP2	19	3390,97	178,47**	30,72	85,81
CP3	17	1565,83	92,11NS	14,19	100,00
Error	152	1795,84	11,81		
Total	239	9964,88			

CP = componente principal. NS, \*, \*\*: no significativo y significativo a una p ≤ 0,05 y 0,01, respectivamente.

### Análisis de estabilidad genotípica

El análisis de varianza de AMMI muestra alta significancia estadística ( $p < 0,001$ ) para las fuentes de variación ambientes, genotipos y la IGA (Tabla 3). Se aprecia que el 46,55% de la suma de cuadrados total del rendimiento comercial fue atribuible por el efecto de la IGA, seguido por el efecto genético y el ambiente, los cuales explicaron 45,69% y 7,75% respectivamente. Esto quiere decir que la mayor parte de la suma total de cuadrados en el rendimiento comercial de los clones es mayormente aportada por el efecto de la IGA, seguida por el efecto genotípico y por el ambiente, debido a que las diferencias entre los ambientes causan la mayor parte de la variación de los clones. Resultados fueron similares a lo reportado por Shahriari et al. (2018) quienes encontraron que la fuente predominante de variación total fue la IGA seguida por el genotipo y el ambiente, esto es debido a la gran influencia que ejerce el ambiente sobre el rendimiento. Además, la IGA es un aspecto importante tanto del fitomejoramiento como de la introducción exitosa de nuevas variedades comerciales.

La magnitud de la SC de la IGA fue casi 5,9 veces mayor que la dada por el efecto genotípico y 1,02 veces mayor que la SC dada por el ambiente. Al descomponer la SC de la IGA en componentes principales (CP) (Tabla 4); se constató que los dos primeros componentes fueron significativos, además, explicaron 85,81% de la variabilidad total de la IGA. El primer CP de la interacción explicó el 55,08% de la SC de la IGA, mientras que el segundo CP solo explicó el 30,72% de la SC de la IGA.

Según Gauch et al. (2008) citado por Esuma et al. (2016) la magnitud del valor obtenido en el primer CP constituye un parámetro válido para explicar los resultados si este supera el 40% de la variabilidad total de la variable evaluada y permite visualizar la estabilidad de rendimiento comercial de los clones en los ambientes evaluados a través de la gráfica Biplot. En el gráfico Biplot de la Figura 2 se puede apreciar que el A-2 (Ambiente 2) y A-4 (Ambiente 4) reportaron altos rendimientos. Según la longitud de los vectores del ambiente, los ambientes A-2 y A-3 (Ambiente 2 y 3) tienen una mayor capacidad de discriminación de clones, debido a que estos ambientes presentan vectores largos. Al respecto Dos Santos et al. (2019) indican que los ambientes que tienen vector con mayor longitud muestran un alto poder discriminante entre genotipos. Además, estos ambientes muestran factores específicos que permitieron que la interacción genotipo por ambiente genere diferencias en

el rendimiento de los clones evaluados. Por otro lado, el A-1 y A-4 tuvieron vectores cortos lo que indica que no discriminaron bien entre clones con respecto a la estabilidad de rendimiento.

Además, en el análisis de AMMI, cuando el vector que representa el genotipo en el plano cartesiano está cerca de la posición que representa un ambiente dado, esto indica que el genotipo se desempeña mejor en aquel ambiente, en comparación con los otros genotipos (Miranda et al., 2009). Al respecto, tenemos que los clones 2 y 4 tienen un mejor desempeño en el ambiente 4. El clon 13 registra un mejor desempeño en el ambiente 2. En cuanto al ambiente 1, el clon 14 se desempeña mejor y, por último, en el ambiente 3 el clon 5 se desempeña mejor. Por otro lado, la posición de un genotipo en el plano cartesiano, cuando está dentro del cuadrante opuesto a la posición del ambiente, indica falta de adaptación de este genotipo al ambiente (Miranda et al., 2009). En ese sentido el clon 18 y 20 no se adapta en el ambiente 3 o el clon 6 no presentó un buen comportamiento en el ambiente 1.

Asimismo, el gráfico biplot presenta al clon CIP 302299.28 (Clon-15) con valor cercano a cero que indican baja IGA y con un rendimiento comercial superior al promedio general con  $31,8 \text{ t ha}^{-1}$ , así mismo, por lo tanto, dicho clon es estable en los ambientes evaluados, en cuanto al clon CIP 302281.17 (Clon-4) con  $32 \text{ t ha}^{-1}$  presentó valor cercano a cero que indican una baja IGA y con un rendimiento comercial superior a la media general teniendo estabilidad. Por lo tanto, el clon CIP 302299.28 tiene mayor estabilidad y rendimiento comercial de  $31,9 \text{ t ha}^{-1}$ . Estos resultados son confirmados por Bassa et al. (2019) quienes señalaron que los genotipos estables tienen valores absolutos que se acercan a cero en el eje o presentan valores cercanos al origen del primer componente principal lo cual implica baja IGA, mientras que aquellos genotipos relativamente separados del origen son inestables ya que muestra mayor IGA es decir tiene mayor variación ambiental. Al respecto Tena et al. (2019) indican que el genotipo ideal debe tener un rendimiento medio alto y mantener este rendimiento en todos los ambientes. Tal genotipo ideal se define por tener la mayor longitud de vector de los genotipos de alto rendimiento y con cero IGA. El genotipo seleccionado debe tener un rendimiento promedio invariablemente alto en todos los ambientes evaluados. Este genotipo ideal se define gráficamente por el vector más largo en CP1 y sin proyecciones en CP2.

Los clones CIP 302280.23 (Clon-20) y CIP 302281.25 (Clon-18), CIP 302281.25 (Clon-6)

y el CIP 302278.28 (Clon1) presentaron altos rendimientos, pero fueron inestables a través de las localidades, debido al alejamiento con respecto al eje central. En tanto los clones CIP 302293.22 (Clon 10) y CIP 302288.42 (Clon-11), CIP 302306.33 (Clon-5) son altamente inestables debido a que mostraron alto IGA y bajos rendimientos.

Estos resultados indican que la variación en los clones se debe a los factores edafoclimáticas y a la presión de las plagas y enfermedades. Resultado que se asemeja a lo reportado por *Almohammedi et al. (2019)* quienes indican que la variación de la precipitación pluvial, la temperatura y la humedad del suelo en los diferentes ambientes se considera como el principal factor causal de la IGA. También por *Vásquez et al. (2019)* quienes encontraron que, en Cajamarca los genotipos variaron desde 15,97 t ha<sup>-1</sup> para la variedad comercial Canchan a 32,29 t ha<sup>-1</sup> en el genotipo CAJ10.4. En cuanto al análisis de estabilidad está identificó a los genotipos CAJ003.4 y CAJ004.4 como los más estables.

Según *Lemma et al. (2020)* el análisis multivariado permite seleccionar el genotipo ideal, el cual debe tener un rendimiento alto y mantener este rendimiento en todos los ambientes. Asimismo, *Almohammedi et al. (2019)* indican que un genotipo que muestra una alta estabilidad en un ambiente es de-

bido a la capacidad de explotar las condiciones agroecológicas del ambiente donde se desarrolla y es el más adecuado para ese ambiente. Según *Ajay et al. (2020)* el desarrollo de nuevos genotipos con alto rendimiento y un nivel aceptable de estabilidad es importante en el programa de mejoramiento genético de planta para la liberación como variedad comercial. Por lo tanto, el uso de análisis estadísticos multivariados, lograron ser efectivos para estimar la IGA y seleccionar genotipos estables con más precisión en el cultivo (*Agahi et al., 2020*).

**Parámetro de calidad de tubérculos de papa**

**Análisis combinado de varianza para el color de fritura de la papa**

El análisis reporta diferencias estadísticas significativas para el factor de variación años (p = 0,0243), localidad (p < 0,001) y clones (p = 0,0133), así como también para la interacción años por localidades (p < 0,001) y clones por localidad (p < 0,001). En cambio, para los factores de variación de la interacción clones por años (p < 0,001) y para la interacción años por clones por localidad (p < 0,001) no hubo diferencias significativas. Esto quiere decir que tanto entre localidades varían según el clima, el suelo y otros factores, en cuanto a los años estos varía entre sí, ya que los elementos climáticos difieren año tras año.

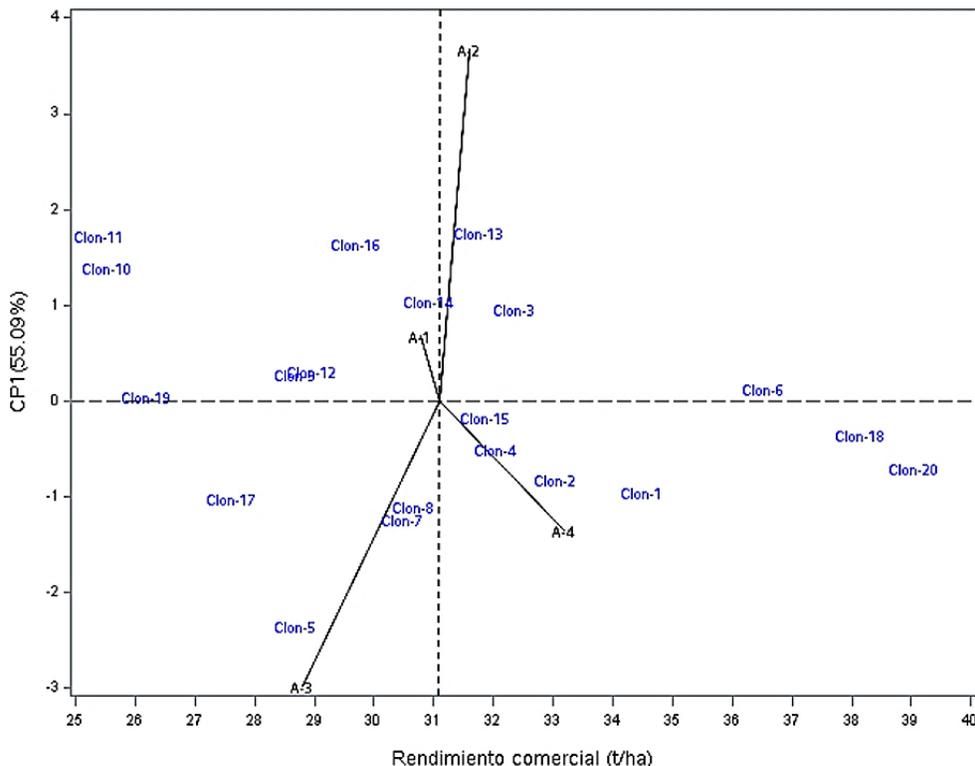


Figura 2. Gráfica biplot del rendimiento comercial y los coeficientes del CP1 de los clones evaluados en cuatro ambientes de Cajamarca.

En cuanto a los clones existen diferencias entre sí debido a que cada clon tiene una constitución genética diferente y estos se expresan según el ambiente donde se desarrollan. Este resultado es afirmado por [Agahi et al. \(2020\)](#) quienes señalan que la constitución genética del clon expresa su máximo potencial genético si el ambiente es favorable. Según [Goksoy et al. \(2019\)](#) la diferencia en el comportamiento de los clones entre ambientes se relaciona con diferencias en altitud, tipo de suelo, temperaturas, la radiación solar y precipitación de las localidades.

En cuanto al factor de variación clones x años ( $p = 0,2199$ ) y para el factor de interacción de años x clones x localidad ( $p = 0,240$ ) no hubo significancia, esto quiere decir que los clones no mostraron variación en cuanto a su color de fritura más bien fue homogéneo en diferentes años. Indicando que el color de fritura varía poco a través de los años y los valores encontrados están dentro del rango aceptable.

En cuanto el análisis combinado para la calidad de fritura ([Tabla 4](#)), se estableció 2 grupos con promedios homogéneos, el primer grupo corresponde a 16 clones siendo el clon CIP 302281.25 con una escala de 2,7 de color de chip al clon CIP 302306.33 con escala de 2,0 en el color de chip, en cuanto al segundo grupo se detectaron 3 clones, siendo el clon CIP 302299.28 con 1,9 de color de chip, seguido de CIP 302281.17 con 1,8 de color de chip y por último el clon CIP 302280.23 con 1,7 de color de chip. Por tanto, la mayoría de los clones están dentro del rango de 1 y 2 de color de fritura. Además, se puede resaltar que los ambientes uno y tres (localidad de Llama) presentaron

los valores más bajos de color de chip, en cambio los ambientes evaluados en Chaquíl reportó los valores más altos de color de fritura.

Estos resultados concuerdan con lo reportado por [Elfresh et al. \(2011\)](#) indicaron que el color de todas las variedades varía entre 1 y 2, donde 1 es de color claro y 2 es de color tostado claro, lo cual es comercialmente aceptable. Esto puede deberse a su menor contenido de azúcar reductor (por debajo de  $0,051 \text{ g } 100 \text{ g}^{-1} \text{ FW}$ ), que es adecuado para producir un color de fritura comercialmente aceptable. En cuanto a la calidad de fritura, si es muy oscuro el color de fritura (mayor a 4 según la escala), esta causa se debe al pardeamiento provocado por la reacción de Maillard durante la cocción de las papas fritas y tiene como implicancia la formación de acrilamida ([Halford et al., 2012](#)). Asimismo, [Pedreschi et al. \(2016\)](#) indica que el color de las papas fritas es el primer parámetro de calidad evaluado y de importancia para la aceptación por parte de los consumidores.

#### Análisis de estabilidad genética para la calidad de fritura de la papa

##### Análisis de varianza de AMMI

El análisis de varianza de AMMI muestra alta significancia estadística ( $p < 0,001$ ) para las fuentes de variación ambientes, genotipos y la IGA ([Tabla 5](#)). Se aprecia que el 60,37% suma de cuadrados total del color de fritura es atribuible por el efecto del ambiente, seguido por el efecto de la IGA con 29,11% y por último el efecto genético que explicó 10,52%.

**Tabla 4**

Promedios y prueba de Duncan al 5% para el color de fritura en el análisis combinado de clones avanzados de papa

Clon	Ambientes				Combinado	
	Amb 1	Amb 2	Amb 3	Amb 4	Clones	Media
CIP 302278.28	1,3ab	3,0a	1,3ab	2,5abc	CIP 302281.25	2,7a
CIP 302296.21	1,3ab	2,8a	1,3ab	2,0bc	CIP 302281.52	2,3ab
CIP 302301.19	1,3ab	3,0a	1,3ab	2,2abc	CIP 302280.21	2,2ab
CIP 302281.17	1,3ab	2,0a	1,3ab	2,3abc	CIP 302278.28	2,2ab
CIP 302306.33	1,2ab	2,0a	1,2ab	2,3abc	CIP 302288.33	2,2ab
CIP 302281.25	1,7ab	3,2a	1,7ab	3,7a	CIP 302282.28	2,2ab
CIP 302305.46	1,2ab	2,3a	1,2ab	1,7bc	Amarilis INIA	2,2ab
CIP 302304.15	1,2ab	2,7a	1,2ab	2,8ab	CIP 302295.32	2,0ab
CIP 302295.32	1,2ab	3,2a	1,2ab	2,2abc	CIP 302296.21	2,0ab
CIP 302293.22	1,3ab	2,0a	1,3ab	2,7abc	CIP 302301.19	2,0ab
CIP 302288.42	1,3ab	2,7a	1,3ab	2,2abc	CIP 302288.42	2,0ab
CIP 302289.41	1,2ab	2,7a	1,2ab	2,0bc	CIP 302299.28	2,0ab
CIP 302288.14	1,2ab	2,7a	1,2ab	2,0bc	CIP 302288.14	2,0ab
Amarilis INIA	1,2ab	2,8a	1,2ab	2,2abc	CIP 302304.15	2,0ab
CIP 302299.28	1,8a	2,5a	1,5ab	2,0bc	CIP 302293.22	2,0ab
CIP 302288.33	1,7ab	2,5a	1,7ab	2,3abc	CIP 302289.41	2,0ab
CIP 302282.28	1,5ab	2,7a	1,5ab	2,8ab	CIP 302306.33	2,0ab
CIP 302281.52	1,2ab	3,5a	1,2ab	2,5abc	CIP 302299.28	1,9b
CIP 302280.21	1,0b	2,8a	1,0b	2,8ab	CIP 302281.17	1,8b
CIP 302280.23	1,8a	2,5a	1,2ab	2,3abc	CIP 302280.23	1,7b

<sup>1</sup>Valores con la misma letra en la misma hilera son iguales de acuerdo con la prueba de Duncan a una  $p \leq 0,05$ .

La suma de cuadrados de la IGA se dividió en componentes principales. Los dos primeros componentes fueron altamente significativos ( $p < 0,01$ ), y explican el 85,88% de la variabilidad total de la interacción genotipo x ambiente. El primer componente principal explica el 56,83% de la suma de cuadrados de la IGA y el componente principal 2 reportó 29,05% de la suma de cuadrados de la IGA.

Asimismo, *Shahriari et al. (2018)* ha demostrado que el modelo AMMI es efectivo ya que contribuye con una gran parte de la suma de cuadrados de la IGA y separa los efectos principales y de interacción.

### Análisis biplot

En el gráfico biplot de la *Figura 2*, en cuanto a los ambientes, se puede apreciar que el A-2 (Ambiente 2) y A-4 (Ambiente 4) reportaron altos rendimientos y alto valor en el color de fritura. Según la longitud de los vectores del ambiente, los ambientes que discriminaron a los clones fueron; el (A1, A2 y A4) por sus vectores largos discriminaron bien entre clones y el ambiente 3 con vector corto no discrimina bien. Al respecto *Dos Santos et al. (2019)* indican que el ambiente debe tener una puntuación alta para CP1 porque esta variable tiene una mayor capacidad de discriminación para los clones y una puntuación nula para el CP2.

Asimismo, el gráfico biplot (*Figura 3*), presenta al clon CIP 302299.28 (Clon-15) con valor cercano a cero que indican baja IGA para calidad de fritura, por lo tanto, dicho clon es estable en los ambientes evaluados, presentando un promedio de 2 en el color de fritura. En cuanto al clon CIP 302281.17 (Clon-4) presentó baja interacción genotipo x ambiente y con bajo valor de color de fritura con 2,2, siendo estos clones estables en los ambientes evaluados. Asimismo, el clon CIP 302280.23 obtuvo estabilidad en calidad, con una escala de 1,7 de color de fritura.

Los clones CIP 302281.25 (Clon-6), CIP 302280.21 (Clon 19) y CIP 302281.25 (Clon-18) presentaron alto valor en el color de fritura, pero fueron inestables a través de las

localidades, debido al alejamiento con respecto al eje central.

En los resultados del análisis de estabilidad para el color de fritura reveló que los clones CIP 302280.23, CIP 302281.17 y CIP 302299.28 varían de 1,7 a 1,9 de color de fritura y fueron los valores más bajos. El color de las papas fritas en nuestro resultado según el Centro Internacional de la Papa (CIP), está entre (1): blanco o amarillo cremoso y (2): amarillo cremoso con muy poca presencia de oscuridad. Por lo tanto, los resultados obtenidos están dentro del rango de aceptación del producto entre 1 y 2 de la escala según *Tran et al. (2017)*.

Los resultados de los análisis de biplot reportan que la mayoría de los clones con valores cercanos al origen en el componente principal 1, los cuales tienen menor magnitud en la interacción genotipo x ambiente, siendo así, los clones más estables el Clon CIP 302299.28 obtuvo baja interacción genotipo x ambiente en los ambientes evaluados y el clon CIP 302281.17 presentó una interacción genotipo x ambiente relativamente alto por lo que no fue estable en los ambientes de evaluación. Afirmando lo reportado por *Bassa et al. (2019)* quienes indican que los genotipos que se acercan al centro de origen tienen baja IGA y son los más estables, mientras los que se alejan del centro origen su respuesta es heterogénea teniendo menos estabilidad.

Los resultados del gráfico biplot reporta a los ambientes 1, 2 y 4 por sus vectores largos los cuales discriminan bien entre clones, en cambio el ambiente 3 tiene un vector corto el cual no discrimina bien. Según *Ngailo et al. (2019)* las longitudes de los vectores de los ambientes permiten seleccionar mejor a los genotipos.

Asimismo, los resultados reportan al clon CIP 302299.28 (Clon-15) con valor cercano a cero que indican baja interacción genotipo x ambiente, sin embargo, los clones CIP 302281.25 (Clon-6), CIP 302280.21 (Clon 19) y CIP 302281.25 (Clon-18) presentaron alto valor en el color de fritura, pero fueron inestables a través de las localidades, debido al alejamiento con respecto al eje central.

**Tabla 5**

Análisis de varianza AMMI del color de fritura de los clones avanzados de papa

Fuente de variación	Grados de libertad	Suma de cuadrados	Cuadrados medios CM	Suma de cuadrados (%)	Suma de cuadrados Acumulado (%)
Ambientes	3	55,93	18,64**	60,37	60,37
Genotipos	19	9,75	0,51*	10,52	70,89
Interacción G X A	57	26,97	0,47**	29,11	100,00
CP1	21	46,03	2,19**	56,83	55,08
CP2	19	23,53	1,24**	29,05	85,88
CP3	17	11,44	0,67NS	14,12	100,00
Error	152	39,74	0,26		
Total	239	135,56			

CP = componente principal. NS, \*, \*\*: no significativo y significativo a una  $p \leq 0,05$  y  $0,01$ , respectivamente.

En tanto los clones CIP 302306.33 (Clon-5) y CIP 302305.46 (Clon-7) y CIP 302304.15 (Clon 8) son altamente inestables debido a que mostraron alto interacción genotipo x ambiente y alto valor de color de fritura. Según Lara y Malaver (2019), el cultivo de papa con rendimiento estable da como resultado una cosecha más grande y por su calidad de fritura tiene una mayor competitividad en el mercado para el consumo fresco y para la agroindustria. Adicionando que estos clones por su pigmentación en la pulpa de los tubérculos tienen una fuente importante de antocianinas naturales, que actúan como antioxidantes y tienen un efecto beneficioso en la salud humana (Brown, 2005).

Por lo tanto, el análisis multivariado tiene una alta capacidad para distinguir y recomendar genotipos estables de alto rendimiento y de calidad (Lemma et al., 2020) (Figura 4). Al respecto, Goksoy et al. (2019) sugieren que se puedan usar varias técnicas multivariadas para ayudar a dilucidar las interacciones, especialmente cuando no son fáciles de explicar por otros métodos univariados. Por lo que el AMMI se ha convertido en una herramienta estadística popular entre los investigadores agrícolas porque permite estimar el IGA y el análisis Biplot a través de su gráfica logra obtener mayor precisión en la selección de genotipos estables, de alto rendimiento comercial y calidad para el procesamiento (Agahi et al., 2020).

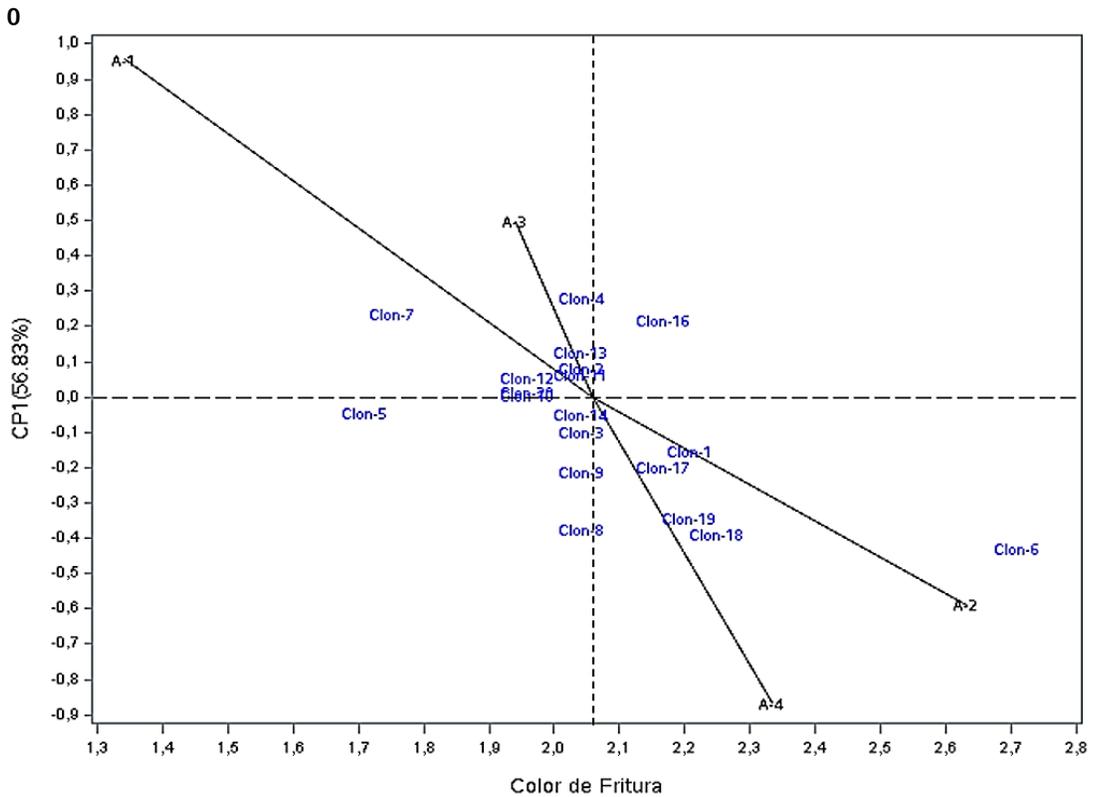


Figura 3. Gráfica biplot de la calidad de fritura y los coeficientes del CP1 de los clones avanzados de papa evaluados en cuatro ambientes de Cajamarca.



Figura 4. Clones con alta estabilidad de rendimiento comercial seleccionados por su bajo IGA y por su color de fritura: (A) Clon CIP 302299.28; (B) Clon CIP 302281.17 y (C) Clon CIP 302280.23 con alta estabilidad por su color de fritura.

#### 4. Conclusiones

Se determinó nuevos clones de papa de pulpa pigmentada, con estabilidad de rendimiento, alto contenido de pigmentos y alta calidad por el bajo contenido de azúcares reductores. El análisis multivariado estimó y explicó la interacción genotipo por ambiente para el rendimiento comercial y color de fritura de los clones avanzados con pulpa pigmentada. Se identificó al clon CIP 302299.28 de pulpa roja y crema, y piel roja con baja IGA, lo que indica ser estable en los ambientes evaluados y de alto rendimiento comercial con 31,8 t ha<sup>-1</sup>, además presentó una escala de 2 en el color de fritura en los ambientes evaluados, obteniendo una mejor respuesta a la variación ambiental. El clon CIP 302281.17 de pulpa y piel amarilla, reportó baja IGA es decir presentó estabilidad de rendimiento comercial con 32 t ha<sup>-1</sup> y 2,2 de color de fritura, ambos clones muestran escalas dentro del rango aceptable de color de fritura. Se identificó el Clon CIP 302280.23 de pulpa y piel violeta (33,0 t ha<sup>-1</sup>), con baja IGA, siendo estable en calidad con 1,7 de color de fritura. Asimismo, el clon CIP 302280.23 de pulpa y piel violeta reportó un rendimiento comercial de 33,0 t ha<sup>-1</sup>, y 1,7 en la escala de color de fritura, obteniendo estabilidad en calidad, siendo un clon para la industria del procesamiento en tiras, hojuelas y otros derivados. Estos Clones posee bajo contenido de azúcares reductores, siendo apto para el consumo fresco y para la industria del procesamiento. Por lo tanto, estos clones son seleccionados para una amplia producción en Cajamarca.

#### Agradecimientos

A la Asociación para la Conservación y Mejoramiento de la Biodiversidad Altoandino -ACOMEBIO, Convención No. 176-FINCYT-FIDECOM-PIPEI-2012.

#### ORCID

R. Tirado-Lara  <https://orcid.org/0000-0003-1712-9882>  
 R. Tirado-Malaver  <https://orcid.org/0000-0002-4615-5310>  
 E. Mayta-Huatuco  <https://orcid.org/0000-0001-8471-1675>  
 W. Amoros-Briones  <https://orcid.org/0000-0001-6582-8704>

#### Referencias bibliográficas

Agahi, K.; Ahmadi, J.; Oghan, H.A.; et al. 2020. Analysis of genotype × environment interaction for seed yield in spring oilseed rape using the AMMI model. *Crop Breed. Appl. Biotechnol.* 20(1): e26502012.

Almohammadi, O.H.; AL-Abdaly, M.M.; Mahmud, S.A.; 2019. Study of genotype and environment interaction on yield analysis of tuber of potato (*Solanum tuberosum* L.) using AMMI in Iraq. *Plant Arch* 19(1): 978-982.

Ajay, B.C.; Bera, S.K.; Singh, A.L.; et al. 2020. Evaluation of Genotype × Environment Interaction and Yield Stability Analysis in Peanut Under Phosphorus Stress Condition Using Stability Parameters of AMMI Model. *Agricultural Research (In press)*.

Bassa, D.; Gurmu, F.; Mohammed, H. 2019. Comparison of Univariate and Multivariate Models to Analyze Stability of Common Bean (*Phaseolus vulgaris* L.) Genotypes in Ethiopia. *Agrotechnology* 8: 188-199.

Brown, C.R. 2005. Antioxidants in potato. *American Journal of Potato Research* 82(2):163-172.

Dos Santos, A.; Rodrigues, E.; Pantaleao, A.; et al. 2019. Nonlinear Regression and Multivariate Analysis Used to Study the Phenotypic Stability of Cowpea Genotypes. *Hortscience* 54(10): 1682-1685.

Elfesh, F.; Tekaling, T.; Solomon, W. 2011. Processing quality of improved potato (*Solanum tuberosum* L.) cultivars as influenced by growing environment and blanching. *African Journal of Food Science* 5: 324-332.

Esuma, W.; Sezi, K.R.; Herselman, L.; et al. 2016. Stability and genotype by environment interaction of provitamin a carotenoid and dry matter content in cassava in Uganda. *Breeding Science* 66(3): 434-443.

Eichhorn, S.; Winterhalter, P. 2005. Anthocyanins from pigmented potato (*Solanum tuberosum* L.) varieties. *Food Research International* 38 (8-9): 943-948.

Gedif, M.; Yigzaw, D. 2014. Genotype by Environment Interaction Analysis for Tuber Yield of Potato (*Solanum tuberosum* L.) Using a GGE Biplot Method in Amhara Region, Ethiopia. *Ag. Sci.* 5: 239-249.

Goksoy, A.; Sincik, M.; Erdogmus, M.; et al. 2019. The parametric and non-parametric stability analyses for interpreting genotype by environment interaction of some soybean genotypes. *Turkish Journal of Field Crops* 24(1): 28-38.

Halford, N.G.; Muttucumaru, N.; Powers, S.J.; et al. 2012. Concentrations of Free Amino Acids and Sugars in Nine Potato Varieties: Effects of Storage and Relationship with Acrylamide Formation. *J. Agric. Food Chem.* 60: 12044-12055.

Khalil, A.; Ur-Rahman, H.; Ur-Rehman, N.; et al. 2011. Evaluation of maize hybrids for grain yield stability in North-West of Pakistan. *Sarhad J. Agric* 27(2): 213-218.

Lara, R.T.; Malaver, R.H.T. 2019. Quality attributes for processing potato clones of purple-fleshed in Peru. *Rev. Ciênc. Agrov.* 18(4): 444-452.

Lemma, T.; Mohammed, W.; Tesfaye, A. 2020. Evaluation of Potato (*Solanum tuberosum* L.) Varieties for Yield and Some Agronomic Traits. *Open Agriculture.* 5: 63-74.

Maharana, J.; Panda, C.M.; Jakhar, P. 2017. Genotype × Environment Interaction and Stability Analysis of Kharif Potato in Koraput Region of Odisha. *Int. J. Curr. Microbiol. App. Sci* 6(5): 1159-1166.

Miranda, G.V.; Souza, L.V.; Guimaraes, L.J.M.; et al. (2009). Multivariate analyses of genotype × environment interaction of popcorn. *Pesq. agropec. Bras.* 44(1): 45-50.

Ngailo, S.; Shimelis, H.; Sibiya, J.; et al. 2019. Genotype-by-environment interaction of newly-developed sweet potato genotypes for storage root yield, yield-related traits and resistance to sweet potato virus disease. *Heliyon* 5(3): e01448.

Pazderü, K.; Hamouz, K.; Lachman, J.; et al. 2015. Yield potential and antioxidant activity of potatoes with coloured flesh. *Plant Soil Environ* 61(9): 917-921.

Pedreschi, F.; Domingo, M.; Manrique, T. 2016. Quality Evaluation and Control of Potato Chips. In: Sun, D. (Comp.). *Computer Vision Technology for Food Quality Evaluation.* USA. Pp. 591-613.

SAS, 2003. The SAS system for Windows. Release 9.1.3. p. 83-122. SAS Institute, Cary, North Carolina, USA.

Shahriari, Z.; Heidari, B.; Dadkhodaie, A. 2018. Dissection of genotype × environment interactions for mucilage and seed yield in Plantago species: Application of AMMI and GGE biplot analyses. *PLoS ONE* 13: e0196095.

Sharifi, P.; Aminpanah, H.; Erfani, R.; et al. 2017. Evaluation of Genotype × Environment Interaction in Rice Based on AMMI Model in Iran. *Rice Science* 24(3): 173-180.

- Silveira, D.; Kist, V.; De Paula, T.; *et al.* 2013. AMMI analysis to evaluate the adaptability and phenotypic stability of sugarcane genotypes. *Scientia Agricola* 70(1): 27-32.
- Tena, E.; Goshu, F.; Mohamad, H.; *et al.* 2019. Genotype × environment interaction by AMMI and GGE-biplot analysis for sugar yield in three crop cycles of sugarcane (*Saccharum officinarum* L.) clones in Ethiopia. *Cogent Food & Agriculture* 5: 1651925.
- Tirado-Lara, R.; Tirado-Malaver, R.H. 2018. Comportamiento de parámetros biométricos de clones para la obtención de papa baby con pulpa pigmentada. *Sci. Agrop.* 9(3): 401-410.
- Tirado, R.H.; Mendoza, W.; Tirado, R. 2018. Interacción genotipo × ambiente en rendimiento de papa (*Solanum tuberosum* L.) con pulpa pigmentada en Cutervo, Perú. *Chilean J. Agric. Anim. Sci., ex Agro-Ciencia* 34(3): 191-198.
- Tran, M.T.; Chen, X.D.; Southern, C. 2007. Reducing oil content of fried potato crisps considerably using a 'sweet' pre-treatment technique. *J. Food Eng.* 80(2):719-726
- Vargas, H.M.; J.C. Crossa. 2000. El análisis AMMI y la gráfica del biplot en SAS. Unidad de Biometría y Estadística. CIMMYT, México. 42 pp
- Vásquez A.V.; Cabrera, H. A.; Jiménez, D.L.; *et al.* 2019. Estabilidad del rendimiento de genotipos de papa (*Solanum tuberosum* L.). *Ecología Aplicada* 18(1) 59-65.
- Xavier, A.; Jarquin, D.; Howard, R.; *et al.* 2018. Genome-Wide Analysis of Grain Yield Stability and Environmental Interactions in a Multiparental Soybean Population. *G3 Gene Gen. Genet.* 8: 519-529.
- Xu, N.; Fok, F.M.; Zhang, G.; *et al.* 2014. The Application of GGE Biplot Analysis for Evaluating Test Locations and Mega-Environment Investigation of Cotton Regional Trials. *Journal of Integrative Agriculture* 13(9): 1921-1933.