



“Por un Desarrollo Agrario
Integral y Sostenible”

UNIVERSIDAD NACIONAL AGRARIA

FACULTAD DE AGRONOMÍA

MAESTRÍA EN MEJORAMIENTO GENÉTICO

Trabajo de graduación

**Caracterización morfológica, organoléptica y
molecular de 18 genotipos de yuca (*Manihot
esculenta* Crantz) de la Región Autónoma de la
Costa Caribe Sur, Nicaragua, 2015-2016**

Autor

Ing. Samuel Bismar Flores López

Asesor

PhD. Carlos Henry Loaisiga Caballero

Managua, Nicaragua

Diciembre 2018

UNIVERSIDAD NACIONAL AGRARIA

FACULTAD DE AGRONOMÍA

MAESTRÍA EN MEJORAMIENTO GENÉTICO

Trabajo de graduación

**Caracterización morfológica, organoléptica y
molecular de 18 genotipos de yuca (*Manihot
esculenta* Crantz) de la Región Autónoma de la
Costa Caribe Sur, Nicaragua, 2015-2016**

Autor

Ing. Samuel Bismar Flores López

Asesor

PhD. Carlos Henry Loaisiga Caballero

**Tesis presentada ante el tribunal examinador como
requisito final para optar al grado de Maestro en
Ciencias en Mejoramiento Genético**

**Managua, Nicaragua
Diciembre 2018**

CONTENIDO

Sección	Página
ÍNDICE DE CUADROS	i
ÍNDICE DE FIGURAS	ii
ÍNDICE DE ANEXOS	iii
DEDICATORIA	iv
AGRADECIMIENTOS.....	v
ABSTRACT	vi
I. INTRODUCCIÓN	1
II. OBJETIVOS	3
2.1. Objetivo General	3
2.2. Objetivos Específicos.....	3
III. MATERIALES Y MÉTODOS.....	4
3.1. Caracterización morfológica.....	4
3.1.1. Localización del experimento.....	4
3.1.2. Material biológico	5
3.1.3. Manejo del experimento.....	6
3.1.4. Variables cuantitativas	7
3.1.5. Variables cualitativas.....	9
3.1.6. Diseño experimental	10
3.1.7. Análisis estadístico	11
3.2. Caracterización organoléptica (calidad culinaria)	11
3.2.1. Localización del experimento.....	11
3.2.2. Material evaluado	11
3.2.3. Variables evaluadas.....	11
3.3. Caracterización molecular.....	12
3.3.1. Ubicación del estudio	12
3.3.2. Selección del material para la extracción del ADN	12
3.3.3. Extracción de ADN.....	12
3.3.4. Amplificación de ADN.....	13
3.3.5. Electroforesis.....	14
3.3.6. Tamaño de los fragmentos.....	15

3.3.7. Análisis de datos provenientes del análisis molecular	15
3.3.8. Estructura genética	16
IV. RESULTADOS Y DISCUSIÓN.....	17
4.1. Caracterización morfológica.....	17
4.1.1. Variables cuantitativas	17
4.1.1.1. Altura de planta, cm (ALPL).....	17
4.1.1.2. Diámetro de tallo, mm (DTAL)	18
4.1.1.3. Altura de la primera ramificación, cm (ALPR)	19
4.1.1.4. Longitud entre nudo, cm (LEN)	20
4.1.1.5. Longitud del lóbulo central, cm (LLC).....	20
4.1.1.6. Longitud del pecíolo, cm (LOPE).....	22
4.1.1.7. Grosor de la médula central del tallo, mm (GMCT)	22
4.1.1.8. Grosor del leño del tallo (mm) (GTL).....	22
4.1.1.9. Peso total de la parte terrestre de la planta, kg (PTPT)	24
4.1.1.10. Peso de la parte aérea de la planta, kg (PPAP)	24
4.1.1.11. Peso de toda la planta (kg) (PTP)	24
4.1.1.12. Longitud media de la raíz, cm (LMR).....	26
4.1.1.13. Diámetro medio de la raíz, cm (DMR).....	26
4.1.1.14. Número de la raíces por planta (NRPL).....	28
4.1.1.15. Peso de raíz por planta, kg (PRPT).....	30
4.1.1.16. Rendimiento, kg ha ⁻¹ (Rendi).....	32
4.1.1.17. Conglomerados para caracteres morfológicos cuantitativos	33
4.1.1.18. Componentes principales para caracteres morfológicos cuantitativos.....	34
4.1.2. Variables cualitativas.....	35
4.1.2.1. Análisis de caracteres cualitativos	37
4.2. Características organolépticas	38
4.2.1. Análisis de caracteres organolépticos.....	39
4.2.2. Análisis de componentes principales para caracteres organolépticos	40
4.3. Caracterización molecular.....	41
4.3.1. Diversidad genética por locus	41
4.3.1.1. Número de alelos	41
4.3.1.2. Heterocigosidad observada y esperada	41
4.3.1.3. Contenido de Información Polimórfica (PIC).....	42

4.3.1.4. Diversidad del Índice de Shannon	43
4.3.1.5. Frecuencia alélica de acuerdo al cebador más y menos polimórficos	44
4.3.2. Estructura genética	44
4.3.2.1. Variación genética dentro y entre las poblaciones de yuca a través del análisis molecular de varianza (AMOVA)	44
V. CONCLUSIONES	48
VI. RECOMENDACIONES	49
VII. LITERATURA CITADA.....	50
VIII. ANEXOS	54

ÍNDICE DE CUADROS

Cuadro		Página
1	Genotipos de yuca colectados en la Región Autónoma de la Costa Caribe Sur, Nicaragua, 2015-2016.	6
2	Secuencias de los 8 cebadores microsatélites SSR utilizados en la caracterización de 18 genotipos de yuca.	14
3	Altura de la primera ramificación (ALPR), longitud entre nudo (LEN), longitud del lóbulo central (LLC) de los 18 genotipos de yuca, establecidas en la RACCS, Nicaragua, 2015-2016.	21
4	Longitud del peciolo (LOPE), grosor de la médula central del tallo (GMCT), grosor del tallo leñoso (GTL) de los 18 genotipos de yuca, RACCS, Nicaragua, 2015-2016.	23
5	Peso total de la parte terrestre de la planta (PTPT), peso de la parte aérea de la planta (PPAP), peso total de la planta (PTP) de los 18 genotipos de yuca, RACCS, Nicaragua, 2015-2016.	25
6	Longitud media de raíz (LMR), diámetro medio de raíz (DMR) de los 18 genotipos de yuca, RACCS, Nicaragua, 2015-2016.	27
7	Número de raíz por planta total (NRPL Total), número de raíz por planta no comercial (NRPL No comercial) y número de raíz por planta comercial (NRPL Comercial) de los 18 genotipos de yuca, RACCS, Nicaragua, 2015-2016.	29
8	Peso de la raíz en peso total (PRPT Total), peso de raíz comercial (PRPT No comercial) y peso de raíz no comercial (PRPT Comercial) de los 18 genotipos de yuca, RACCS, Nicaragua, 2015-2016.	31
9	Rendimiento de los 18 genotipos de yuca, RACCS, Nicaragua, 2015-2016	32
10	Valores cualitativos para los caracteres de planta y raíz de los 18 genotipos de yuca, RACCS, Nicaragua, 2015 - 2016.	36
11	Sabor, color y textura de los 18 genotipos de yuca obtenidos de la encuesta obtenida con productores de yuca, 2015-2016.	38
12	Parámetros de diversidad genética para marcadores microsatelitales, usado en el presente estudio.	43
13	Análisis molecular de varianza entre y dentro de las poblaciones de los 18 genotipos de yuca colectados en la RACCS, Nicaragua 2015-2016.	44

ÍNDICE DE FIGURAS

Figura		Página
1	Precipitación y humedad relativa acumulada en la Región Autónoma de la Costa Caribe Sur en el periodo 2015–2016.	5
2	Representación gráfica con altura de planta de 18 genotipos de yuca a los 4, 6, 8 y 12 meses establecidos en la RACCS, Nicaragua, 2015-2016.	18
3	Representación gráfica del diámetro de tallo de 18 genotipos de yuca a los 4, 6, 8 y 12 meses establecidos en la RACCS, Nicaragua, 2015-2016.	19
4	Dendrograma generado del análisis de conglomerados empleando 16 variables cuantitativas ilustrando la relación morfológica entre los 18 genotipos de yuca establecidas en la RACCS, Nicaragua, 2015-2016.	33
5	Representación bidimensional generada de componentes principales empleando 16 variables cuantitativas ilustrando la relación morfológica entre los 18 genotipos de yuca establecidas en la RACCS, Nicaragua, 2015-2016.	34
6	Dendrograma generado del análisis de conglomerados empleando 12 variables cualitativas ilustrando la relación morfológica entre los 18 genotipos de yuca establecidas en la RACCS, Nicaragua, 2015-2016.	37
7	Dendrograma generado del análisis de conglomerado empleando 9 variables organolépticas ilustrando la relación organoléptica de los 18 genotipos de yuca, RACCS, Nicaragua, 2015-2016.	39
8	Representación bidimensional generada de componentes principales empleando 9 variables organolépticas ilustrando su relación entre los 18 genotipos de yuca establecidas en la RACCS, Nicaragua, 2015-2016.	40
9	Dendrograma obtenido con el coeficiente de Jaccard, para la caracterización molecular.	46
10	Dendrograma obtenido con el coeficiente de Jaccard, con datos provenientes de variables morfológicas, organolépticas y moleculares de 18 genotipos colectados en la RACCS, Nicaragua 2015-2016.	47

ÍNDICE DE ANEXOS

Anexo		Página
1	Glosario morfológico organoléptico y molecular.	54
2	Abreviaturas utilizadas en el texto del documento.	59
3	Guía de descriptores cualitativos del cultivo de yuca (<i>Manihot esculenta</i>). Abril 2015.	60
4	Parcela experimental (repetida 4 veces por cada genotipo).	60
5	Auto valores de caracteres cuantitativos de los 18 genotipos de yuca, Caribe Sur, Nicaragua, 2015–2016.	62
6	Auto valores de variables organolépticas de los 18 genotipos de yuca, Caribe Sur, Nicaragua, 2015–2016.	63
7	Resultados de análisis en laboratorio en suelo, bromatológico y altura sobre el nivel del mar de los genotipos colectados en la costa caribe sur de Nicaragua en el periodo 2015–2016.	64
8	Lugares de colecta de los 18 genotipos de yuca, Caribe Sur, Nicaragua, 2015–2016.	65
9	Regla de ADN de 100 a 1000 pb, pares de bases (Pb), utilizada para el componente molecular.	65
10	Uso de la Cámara electroforesis (a) y el UPV tras luminador Launch Doc-ITL (b) para visualizar el desplazamiento de las bandas de ADN (c).	66
11	Gradiente de temperatura para el anillamiento.	67
12	Cantidad de alelos encontrados por cebadores tipo SSR polimórficos utilizados en los 18 genotipos.	68
13	Preparación de soluciones que se usaron en la extracción de ADN.	68
14	Procedimiento y dosis para preparar gel de agarosa metaphor PCR 2%.	70
15	Protocolos optimizados para correr muestras de yuca en PCR.	71

DEDICATORIA

A mis amados hijos **Keyvin Samuel Flores Vélchez** y **Keydi Daniela Flores Vélchez**, y mi esposa, **Olga Francisca Vélchez Lagos**, con quienes he realizado una vida familiar a la distancia. El tiempo nos ha hecho crecer y valorar la familia que somos y que seguiremos siendo a lo largo de nuestras vidas, pronto tendremos tiempo para estar más juntos.

A mi madre, **Olga Juliana Flores López**, de quien siempre conservo un inmenso orgullo y respeto por su incansable lucha a no dejarme sin educación y a ser mejor persona, a quien le debo lo que soy.

A mi padre, **Félix Luciano García**, una ejemplar persona que me apoyo en todos los aspectos de la vida de manera incondicional. Significa para mí, el faro más luminoso que alumbra mi camino hasta el punto que hoy me encuentro y hasta donde pueda llegar.

A mis abuelos maternos, **Juana Bautista López Téllez** y **Pedro Armengol Flores Obando**, hermanos, tíos, tías, primos y primas, quienes son el pilar que me motiva a seguir adelante ante las adversidades que he encontrado en mi camino, les dedico este esfuerzo.

A mis abuelos paternos, **Faustina Cora Martínez Castillo** y **Salvador Quinto**, quienes en vida inspiraron en mí la motivación de ser mejor persona cada día. Un abrazo a la distancia mis amados abuelos, sé que siempre me van a guiar por el mejor camino, hasta pronto.

Ing. Samuel Bismar Flores López

AGRADECIMIENTOS

A Dios padre, por su infinita bondad y guía en el diario vivir de cada uno de nosotros.

A quienes fueron de mucho apoyo de esta loable tarea, en especial a las compañeras; Andrea Zamora, Tatiana Rivas y Alexa Espinoza. A los dirigentes del Instituto Nicaragüense de Tecnología Agropecuaria que junto a los compañeros de la Universidad Nacional Agraria, con su esfuerzo hicieron posible este logro.

A mi asesor, PhD Carlos Henry Loáisiga Caballero, por sus consejos y dedicación, que han sido claves para lograr con buen término esta sustancial contribución a la diversidad varietal del cultivo de yuca criolla del trópico húmedo de nuestro país.

A quienes me apoyaron en la fase de campo; productores de yuca, compañeros de trabajo y amigos que contribuyeron con este esfuerzo de trabajo de tesis. En especial al Cro. Juan Fernando Martínez López y Fabio Alejandro Rosales González.

A la familia López García, que me brindo apoyo incondicional en mi estancia por Managua para llevar a cabo avances en el desarrollo de este documento, en especial a los hermanos Amílcar y Wiston.

A la Universidad Nacional Agraria por haberme brindado la oportunidad de formar parte de esta comunidad Universitaria, junto a sus docentes y trabajadores en general durante mi formación.

Ing. Samuel Bismar Flores López

RESUMEN

En Nicaragua el cultivo de yuca es sumamente importante, ya que además de ser utilizada para el consumo humano, se utiliza en la alimentación de aves, porcina y bovina. Se realizó la presente investigación en marzo 2015 junio 2016 en la estación experimental del Instituto Nicaragüense de tecnología Agropecuaria (INTA), situada en el municipio Kukra Hill. Con el objetivo de caracterizar morfológica, organoléptica y molecularmente 18 genotipos de yuca (*Manihot esculenta* Crantz), colectados en la Región Autónoma de la Costa Caribe Sur (RACCS). Se analizaron caracteres cualitativos y cuantitativos, organolépticos y moleculares, utilizando 8 marcadores microsátélites tipo SSR. Se realizó un análisis de suelo para determinar macro y micro elementos, PH y materia orgánica. Los datos morfológicos se analizaron empleando los programas estadísticos INFOSTAT, INFOGEN y GenAlex 6.5. Los genotipos GEN1 y GEN12 fueron superiores en las variables morfológicas. Los genotipos GEN5, GEN10, GEN12 y GEN13 están asociados a la textura, sabor y contenido de carbohidratos. Se detectaron 81 alelos con los microsátélites, variando de 7 a 15 el número de alelos encontrados por locus. El índice de diversidad genética (0.864), indica que los marcadores GA-126, SSRY-100 y GA-131 fueron más informativos y polimórficos. Los tres componentes evaluados; morfológicos, organolépticos y moleculares, agruparon los genotipos GEN1, GEN2, GEN3, GEN17, GEN18 con los mejores valores, para la mayoría de los caracteres evaluados.

Palabras claves: Yuca (*Manihot esculenta* Crantz), caracterización morfología, organoléptica, molecular, genotipos, marcadores SSR

ABSTRACT

In Nicaragua, the cultivation of cassava is extremely important, since in addition to being used for human consumption, it is used in the feeding of birds, swine and cattle. The present investigation was carried out in March 2015 June 2016 in the experimental station of the Nicaraguan Institute of Agricultural Technology (INTA), located in the Kukra Hill municipality. With the objective of characterizing morphological, organoleptic and molecularly 18 cassava genotypes (*Manihot esculenta* Crantz), collected in the Autonomous Region of the South Caribbean Coast (RACCS). Qualitative and quantitative, organoleptic and molecular characters were analyzed, using 8 microsatellite markers type SSR. A soil analysis was carried out to determine macro and micro elements, PH and organic matter. The morphological data were analyzed using the statistical programs INFOSTAT, INFOGEN and GenAlex 6.5. Genotypes GEN1 and GEN12 were superior in the morphological variables. Genotypes GEN5, GEN10, GEN12 and GEN13 are associated with texture, taste and carbohydrate content. 81 alleles were detected with microsatellites, varying from 7 to 15 the number of alleles found per locus. The genetic diversity index (0.864) indicates that the markers GA-126, SSRY-100 and GA-131 were more informative and polymorphic. The three components evaluated; morphological, organoleptic and molecular, grouped genotypes GEN1, GEN2, GEN3, GEN17, GEN18 with the best values, for most of the characters evaluated.

Keywords: Cassava (*Manihot esculenta* Crantz), characterization morphology, organoleptic, molecular, genotypes, SSR markers

I. INTRODUCCIÓN

Manihot esculenta Crantz (2n=36) conocida como yuca, mandioca o cassava, es una planta perenne, monoica perteneciente a la familia Euphorbiaceae, originaria del Noroeste de Brasil. Extendida hasta países del tercer mundo (África, Asia y América Latina), ocupa el cuarto lugar en el mundo como producto básico en la alimentación y nutrición de sus consumidores, después del arroz (*Oryza sativa* L.), el trigo (*Triticum sativum* Lam. = *Triticum aestivum* (L.) Thell) y el maíz (*Zea mays* L.). El principal valor económico de la yuca está representado en sus raíces por su alto contenido en almidón (25 a 30%), aunque las hojas son más nutritivas ya que contienen proteínas (15 a 17%), vitaminas y minerales (Ceballos y De la Cruz, 2003a).

El mayor productor del mundo es Nigeria (África) con 32.6 millones de toneladas, seguido del Brasil con 22.5 millones de toneladas. En el 2006 la producción mundial se situó alrededor de 203 millones de toneladas de raíces frescas y un rendimiento mundial promedio de 10.9 t ha⁻¹ y para el 2010 la producción mundial de raíces frescas fue de 248.7 millones de toneladas (FAO, 2010). Lo que muestra un cambio ascendente significativo en términos de la adopción de este rubro para su utilización en diferentes líneas.

En Nicaragua el cultivo de yuca es sumamente importante, ya que además de ser utilizada para el consumo humano, se emplea en la alimentación de aves, porcinos y bovinos (MAGFOR, 2011). En el 2012, INIDE y MAGFOR (2012) estimaron un área de 31,389.75 hectáreas cultivadas de las cuales 13,676.54 se ubican en la Región Autónoma de la Costa Caribe Sur (RACCS), correspondiente al 43.5% de la superficie en uso de este rubro. Las características botánicas de la yuca muestran una amplia variabilidad, por lo cual existen numerosos cultivares de esta especie que garantiza un enorme potencial genético (Debout, 1996).

La caracterización es el registro de los atributos altamente heredables de una planta, que pueden ser distinguidos a simple vista y que se expresan en todos los ambientes. Generalmente, junto a la caracterización se efectúa una evaluación preliminar, la cual consiste en el registro de una serie de características adicionales deseables en un cultivo en particular (IPGRI, 2000).

Las propiedades organolépticas son todas aquellas descripciones de las características físicas que tiene la materia en general, según las pueden percibir los sentidos, por ejemplo; sabor, textura, olor, color o temperatura.

Según Lewin (2004), un fragmento de ADN que representa variación genética (polimorfismo) debido a diferencias entre individuos en la longitud o secuencia de la doble cadena en un locus en particular, se denomina marcador molecular. Los marcadores de ADN son muy estables y por lo tanto útiles en la identificación de especies y poblaciones.

Actualmente, los microsatélites son los marcadores más populares en los estudios de caracterización fitogenética por su alta tasa de mutación y naturaleza codominante permiten la estimación de la diversidad genética dentro y entre familias, así como la mezcla genética entre familias incluso si están estrechamente emparentadas (Sunnucks, 2001).

En el año 2009 investigadores se habían interesado en estudiar las propiedades nutricionales relacionadas a los contenidos de β -caroteno en yuca, iniciando estudios de mejora genética en el cultivo, haciendo uso de la biología molecular, mediante el desarrollo de técnicas biotecnológicas, como herramienta que permite acelerar y analizar procesos de investigación de forma rápida y precisa en el genoma, utilizando marcadores moleculares basados en las características de interés que se deseen estudiar (Morrillo, 2009).

Diferentes entidades, entre éstas el INTA, conducen estudios de mejora y conservación genética en cultivos para garantizar su calidad nutricional. La yuca es una de los componentes en los programas de mejora genética. Ante la falta de información de este cultivo en la RACCS, se trabaja en colectas y caracterización de genotipos promisorios de yuca, con el objetivo de conocer la diversidad morfológica (cualitativa y cuantitativa), organoléptica (análisis de macro y micro elementos) y genética (diversidad) que existe en el país. Con la caracterización, se logrará identificar la diversidad existente en los genotipos establecidos en el banco de germoplasma de la Estación Experimental del INTA en el municipio Kukra Hill. De esta manera existirá un banco de germoplasma que represente la riqueza genética existente en la RACCS sentando base para futuras investigaciones en el cultivo de la yuca.

II. OBJETIVOS

2.1. Objetivo General

Caracterizar morfológica, organoléptica y molecularmente 18 genotipos de yuca (*Manihot esculenta* Crantz), colectados en la Región Autónoma de la Costa Caribe Sur, Nicaragua, 2015-2016.

2.2. Objetivos Específicos

Caracterizar morfológicamente 18 genotipos de yuca distribuidos en municipios de la Región Autónoma del Caribe Sur de Nicaragua.

Comparar la composición organoléptica de 18 genotipos de yuca colectados en municipios de la Región Autónoma del Caribe Sur de Nicaragua.

Caracterizar molecularmente 18 genotipos de yuca distribuidos en municipios de la Región Autónoma del Caribe Sur de Nicaragua.

Seleccionar al menos dos genotipos que reúnan las mejores características en relación a los componentes morfológicos, organolépticos y moleculares.

III. MATERIALES Y MÉTODOS

El presente estudio se desarrolló en diferentes localidades para cada uno de los componentes evaluados:

- La caracterización morfológica se realizó con el establecimiento de un ensayo en el municipio Kukra Hill comunidad Manhathan en la Estación Experimental del INTA.
- La caracterización organoléptica se realizó en la universidad Nacional Agraria (UNA) analizando bromatológicamente muestras de raíces por genotipos.
- La caracterización molecular se realizó con muestras de tejido foliar de cada genotipo en estudio, analizado en el Centro Nacional de Investigación Agropecuaria (CNIA) del INTA en el laboratorio de agrobiotecnología.

3.1. Caracterización morfológica

3.1.1. Localización del experimento

El presente trabajo se realizó en la estación experimental del Instituto Nicaragüense de Tecnología Agropecuaria (INTA) ubicada en el municipio Kukra Hill, en la Región Autónoma de la Costa Caribe Sur (RACCS), en el periodo de primera 2015-2016 y se cosechó en junio del 2016. El municipio está ubicado en las coordenadas: latitud norte: 12024'00'' y longitud este: 84027'00'' a 50 msnm al este del país a 415 km. de Managua, la precipitación alcanza hasta 5,000 mm al año, normalmente es de 2,000 a 3,000 mm anuales. La época lluviosa se extiende de mayo hasta enero teniendo un promedio de humedad relativa anual de 82% (Figura 1).

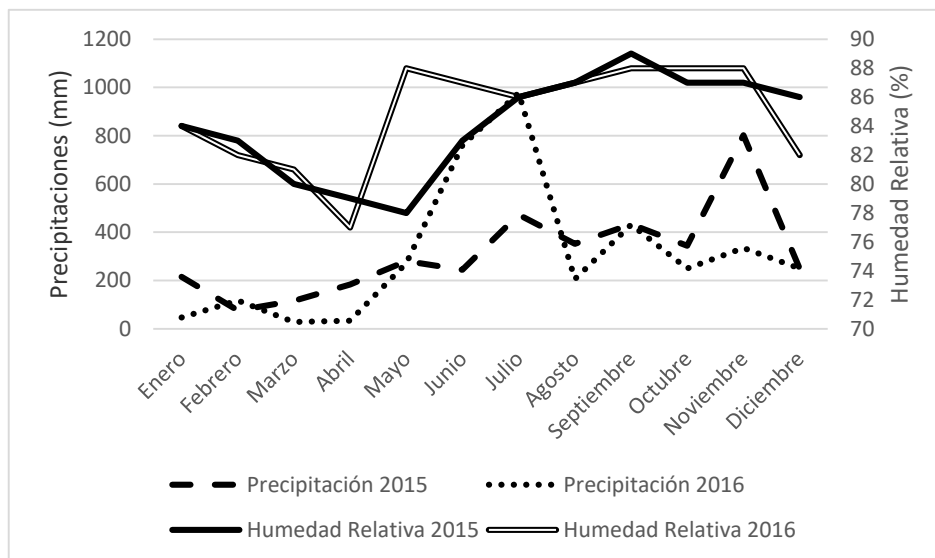


Figura 1. Precipitación y humedad relativa acumulada en la Región Autónoma de la Costa Caribe Sur en el periodo 2015–2016.

3.1.2. Material biológico

Los 18 genotipos de yuca utilizados fueron colectados por el programa fomento a la productividad agropecuaria sostenible INTA/PASOS, durante el periodo 2014-2015 en la RACCS. Por cada genotipo se colectaron 20 varetas de 100 cm de longitud, apropiadamente identificadas con códigos y subdivididas en estacas de 20 cm cada uno. Todo el material fue sembrado en parcelas como parte del banco de germoplasma del INTA en el municipio Kukra Hill. Las plantas seleccionadas en la colecta, fueron recomendadas por productores de acuerdo a su alto rendimiento, tiempo de cocción, color de la pulpa y resistencia a plagas, seleccionando las mejores plantas de la parcela, donde además se constató que los productores tenían genotipos conservados por muchos años (Cuadro 1 y Anexo 8).

Cuadro 1. Genotipos de yuca colectados en la Región Autónoma de la Costa Caribe Sur, Nicaragua, 2015-2016.

No	Accesión original	*	No	Accesión original	*
1	KHBL-2	GEN1	10	ETSBB-3	GEN10
2	ETBV-2	GEN2	11	KHLL-6	GEN11
3	ETBV-7	GEN3	12	LPM-2	GEN12
4	LPRP--3	GEN4	13	ETSBB-1	GEN13
5	KHER-7	GEN5	14	KHEP-4	GEN14
6	LPRP-4	GEN6	15	ETW-2	GEN15
7	KHSRY-5	GEN7	16	ETSBB-5	GEN16
8	KHBL-1	GEN8	17	ETW-4	GEN17
9	KHLC-3	GEN9	18	LPRP-1	GEN18

(*) Nombre asignado a cada genotipo para efecto de este documento, (Accesión original) se refiere al código utilizado al momento de colecta.

3.1.3. Manejo del experimento

Una vez colectado el material vegetativo se procedió al establecimiento del mismo con el propósito de evaluar las características morfológicas, organolépticas y moleculares a partir del nuevo material establecido.

➤ Preparación de suelo

El suelo utilizado para el establecimiento del experimento se encontraba en reposo por un periodo de tres años, tacotal. Se chapeó las malezas con machetes y ganchos, despejando a suelo descubierto el área donde se estableció cada planta.

➤ Siembra

La siembra se realizó con macana a razón de dos golpes por cada lugar a siembra a una distancia de 1 m² por planta y calle dentro de la parcela. El tamaño total de la parcela estuvo comprendido de 1 x 3 m para una cantidad de 15 plantas por parcela. Se previó un margen de 2 m de distancia entre cada parcela establecida.

➤ Fertilización

Se realizó aplicación de la fórmula 18–46–00 al momento de la siembra y la fórmula 15–15–15 a los 30 y 60 días después de germinación, a razón de 90 kg ha⁻¹ para cada una de las fórmulas.

➤ Control de malezas

Las malezas se controlaron mensualmente con machete, en el trópico húmedo la emergencia de la maleza se manifiesta en condicione muy acelerada, principalmente en periodo de invierno.

3.1.4. Variables cuantitativas

Las variables evaluadas fueron tomadas del libro de descriptores morfológicos del CIAT considerando los caracteres de mayor interés por parte de los pequeños productores de la RACCS.

- Altura de la planta (cm) (ALPL) se utilizó como instrumento una cinta métrica metálica de 5 m de longitud, haciendo una medición de la base de la planta sobre la superficie del suelo hasta la última yema terminal a los 4, 6, 8 y 12 meses después de su establecimiento, en total cuatro diferentes tomas de datos.
- Diámetro del tallo (mm) (DTAL) el dato se tomó de la parte media de la altura total de la planta. Se utilizó un vernier a los 4, 6, 8 y 12 meses después de su establecimiento.
- Altura en la primera ramificación (cm) (ALPR) se midió antes de la cosecha, midiendo con una cinta métrica desde la base del tallo ubicada en el suelo hasta donde se encuentra la primera horqueta.
- Longitud entre nudo (cm) (LEN) la distancia entre nudos se midió a los 10 meses después de la siembra con un vernier en la parte media del tallo principal, esta distancia es muy variable y no solo depende de la variedad, también está influenciado por factores como la edad de la planta.
- Longitud del lóbulo central (cm) (LLC) con una cinta métrica, se midió el lóbulo central de hojas, tomando como muestra la hoja ubicada en el tercio medio de la planta. La medida se efectuó desde la inserción del lóbulo central hasta el ápice del mismo.

- Longitud del pecíolo (cm) (LOPE) se midió desde la base en la vaina a la par de la yema hasta el inicio de la hoja (haz y envés). Se tomó la medida en las hojas del tercio medio de la planta con una cinta métrica.
- Grosor de la médula central del tallo (mm) (GMCT) es la región central del tallo, formada por tejido parenquimático, si bien en muchas especies puede reabsorberse y formar una cavidad central hueca. Este dato se registró con un vernier a los 12 meses después de la siembra (cosecha).
- Grosor del leño del tallo (mm) (GTL) partiendo del tope de GMCT se midió con un vernier el crecimiento secundario del tallo a los 12 meses después de la siembra (cosecha), se caracteriza por el aumento del grosor del tallo y es el resultado de la actividad de los denominados meristemas secundarios. Este tipo de crecimiento es característico de las gimnospermas, la mayoría de las dicotiledóneas y algunas monocotiledóneas.
- Peso total de la parte terrestre de la planta (kg) (PTPT) con una pesa de reloj, por separado se pesaron las raíces provenientes de los genotipos en estudio. Luego se sumaron todos los pesos de las raíces de cada planta de yuca por genotipo y repetición para obtener el promedio.
- Peso de la parte aérea de la planta (kg) (PPAP) después de la cosecha de los genotipos se realizó la separación de las raíces de la planta. La planta; tallo, ramas y hojas, se pesaron en su conjunto, luego se sumaron los resultados de cada planta de yuca por genotipo y repetición para obtener el promedio.
- Peso de toda la planta (kg) (PTP) sumatoria de PTPT y PPAP
- Longitud media de la raíz (cm) (LMR) se midieron las raíces por planta desde el inicio del pedúnculo hasta la parte final de la raíz con una cinta métrica, lo que permitió obtener un promedio de la longitud por raíz de cada repetición y por cada genotipo.
- Diámetro medio de la raíz (cm) (DMR) se midieron las mismas raíces por la parte central con un vernier, permitiendo obtener el diámetro promedio de las raíces.
- Número de raíces por planta (NRPL) al momento de realizar la cosecha se registró la cantidad de raíces obtenidas por planta, lo que permitió hacer una media de cada repetición y por cada genotipo.

- Peso de raíz por planta (kg) (PRPT): una vez obtenido el número de raíces totales se procedió a pesar las raíces de interés con una balanza de reloj, extrayendo de la muestra las raíces con diámetros menores a 3.5 cm (no comerciales).
- Rendimiento (kg ha⁻¹) (Rendi): con el peso de raíz por planta se realizó el cálculo del rendimiento aplicando una regla de tres simple de acuerdo a una densidad de 10,000 plantas por hectárea.

3.1.5. Variables cualitativas

Un carácter asociado con uno o pocos pares de genes se define como carácter cualitativo, y se refiere a los atributos que describen al carácter. Dichos atributos presentan variaciones discontinuas que no son medibles, y la expresión del carácter en general no está determinada por el ambiente (Marini *et al.*, 1993) citado por Dávila y Sandoval (2006). En la investigación realizada se tomaron en cuenta 12 variables cualitativas. Las escalas de medición para cada una de las variables estudiadas se reflejan en Anexo 3.

- Color de la hoja apical (CHA) este dato se registró observando las hojas del tercio medio de la planta, para lo cual se determinaron los valores de la tabla de Munsell.
- Color del pecíolo (CP) se realizó observación del color que presentó el pecíolo en el tercio medio del follaje tomando como referencia colores de la tabla de Munsell.
- Color epidermis del tallo (CET) se tomó a simple vista tomando como referencia la parte central del tallo, empleando la tabla de Munsell.
- Hábito de crecimiento del tallo (HCT): se determinó la forma en el cual se encuentra la posición del tallo.
- Color rama terminal planta adulta (CRTPA): Se registró el color de la rama terminal de la planta adulta, tomando este dato de la parte media del follaje, tomando como referencia la tabla de Munsell.
- Hábito de ramificación (HR): se contabilizó la cantidad de ramas que se segregan a partir de la primera horqueta del tallo antes de la cosecha.
- Tipo de planta (TP): se determinó el porte de las plantas en estudio considerando su forma.
- Retención de hoja cosecha (RHC): Se valoró según la presencia de hojas que contenía cada genotipo al momento de la cosecha.

- Color corteza de raíz (CCR): Al momento de la cosecha se determinó el color de la corteza de la raíz de manera visual considerando valores de la tabla de Munsell.
- Forma de la raíz (FR): en este caso se consideró la forma en la que las raíces tuberosas de yuca se desarrollan.
- Posición de la raíz (PR): Se realizó la verificación en campo al momento de la cosecha visualizando la tendencia de la posición de la raíz.
- Deterioro post cosecha (DPC): Una vez cosechada la raíz se expuso al ambiente de manera natural donde se evaluó el deterioro de acuerdo al grado en porcentaje de oxidación que se pudo observar en cada genotipo.

3.1.6. Diseño experimental

El estudio se estableció con un diseño de bloque completamente al azar (BCA) con cuatro bloques con el siguiente Modelo Aditivo Lineal (MAL):

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

En dónde:

i= Tratamientos

j= Bloques

Y_{ij} = i-ésima observación del j-ésimo tratamiento

μ = media poblacional

T_i = efecto del i-ésimo tratamiento

β_j = efecto del j-ésimo bloque

ε_{ij} = efecto aleatorio de variación

La parcela experimental fue de 15 m², estuvo constituida por tres surcos con cinco metros de largo por tres metros de ancho de separación entre hileras y de 1 m entre plantas. Considerado como parcela útil el surco central, se tomaron tres plantas centrales para evitar el efecto de borde en las observaciones. La distancia entre parcelas fue de 2 m, el área total de la recolecta fue de 3 m² (Anexo 4).

3.1.7. Análisis estadístico

Se realizó estadístico descriptivo para cada uno de los descriptores cualitativos en base a los resultados obtenidos a través de un análisis de varianza y conglomerados. Los datos cuantitativos se analizaron con el programa estadístico INFOSTAT. Se realizó análisis de varianza (ANDEVA), y prueba de separación de medias de Duncan con un 95% de probabilidad.

3.2. Caracterización organoléptica (calidad culinaria)

3.2.1. Localización del experimento

Para la determinación de las variables organolépticas presentes en cada genotipo, se realizaron análisis en el laboratorio de Bromatología de la Universidad Nacional Agraria (UNA) para determinar grasa, fibra bruta, proteínas, ceniza, materia seca, carbohidratos presentes en cada genotipo evaluado. También fueron analizados los tipos de suelos de las localidades donde se colectó el material vegetativo en laboratorio de suelos de la UNA.

3.2.2. Material evaluado

Para la obtención de los resultados de este componente se organizó una comisión con 4 productores que han trabajado este rubro por muchos años, ellos opinaron sobre cada uno de los descriptores organolépticos a los que se sometió cada uno de los 18 genotipos. Por tanto, cada variable se evaluó según sus categorías (Cuadro 11).

3.2.3. Variables evaluadas

- Color de la raíz cocida Se definió el tiempo de cocción de cada raíz por cada genotipo, de acuerdo al color que presentó la raíz cocida.
- Sabor Se caracterizó la aceptación/rechazo de los alimentos. definido por la palatabilidad que tenga la raíz cocida.
- Textura: Una vez cocida la raíz de cada genotipo se evaluó de acuerdo al nivel de fibras presentes por cada genotipo.

3.3. Caracterización molecular

3.3.1. Ubicación del estudio

El material colectado y establecido en el banco de germoplasma de yuca de la estación experimental del INTA en Kukra Hill, fue caracterizado molecularmente en el laboratorio de Agrobiotecnología y Semilla del Centro Nacional de Investigación Agropecuaria (CNIA-INTA).

3.3.2. Selección del material para la extracción del ADN

Del ensayo establecido en el Centro de Desarrollo Tecnológico del INTA en el municipio Kukra Hill, se seleccionó un trozo de hoja joven de una planta de cada bloque, en total fueron cuatro plantas por genotipo. Se desinfectaron con alcohol al 70% y se secaron a temperatura ambiente, el material seleccionado se almacenó en bolsas transparentes debidamente codificadas a temperatura -20°C , hasta su extracción de ADN.

3.3.3. Extracción de ADN

Se replicó el protocolo utilizado por Jiménez (2009). En un tubo tipo eppendorf de (1.5 ml) se agregó una muestra de 5 gramos de hoja joven además de 200 μl de buffer de extracción (conteniendo 100 mM Tris-HCl, 50 mM EDTA, 500 mM NaCl y 20 mM 2-mercaptoethanol). El tejido fue macerado utilizando pistilos plásticos hasta homogenizar las muestras. Luego, se le agregó 26 μl de sulfato dodecil sódico al 10% y se mezcló.

Las muestras fueron colocadas en una incubadora tipo baño maría a 65°C por 10 minutos mezclándolo al menos tres veces en ese intervalo de tiempo, luego se agregó 112 μl de acetato de potasio a cada tubo y se incubó en hielo por 20 minutos, las muestras se centrifugaron a una velocidad (15,000 rpm) a 5°C por 15 minutos.

Se extrajo 200 μl del sobrenadante y se colocó en un tubo nuevo donde se agregó 120 μl de Isopropanol helado. Las muestras se conservaron a -20°C por 20 minutos, pasado ese tiempo, las muestras se centrifugaron nuevamente a una velocidad (15,000 rpm) a 5°C por 15 minutos.

Posteriormente, se extrajo todo el líquido del tubo, sobrenadante e Isopropanol, y el pellet ubicado en el tubo se lavó aplicando 100 μl de etanol (70%) centrifugando por última vez a una velocidad (15,000 rpm) a 5°C por 5 minutos.

Seguidamente, se extrajo el etanol 70% y los tubos con los pellets fueron secados por dos horas a temperatura ambiente para ser re-disueltos en 100 μ l de buffer TE (conteniendo 10 mM Tris-HCl pH 8.0 y 1 mM EDTA), finalmente las muestras se conservaron a -20°C hasta que fueron utilizadas.

Para observar y evaluar las bandas de ADN se preparó gel de agarosa simple al 8% (Anexo 13) en la que se inyectó 2 μ l de buffer de carga 6x combinado con 10 μ l de ADN genómico, se dejó correr en la cámara electroforesis plus a 110 voltios, 330 amperios durante 45 minutos, transcurrido el tiempo se utilizó el tras luminador (High Performance UV) con la cámara Canon para tomar fotografías las cuales fueron visualizadas por el programa lounch Doc-ITLS software de análisis de imagen, donde se identificaron las bandas de ADN.

El ADN en el gel, tiene cargas negativas y cuando se aplica una corriente, los fragmentos con cargas negativas son atraídos hacia la carga positiva en el otro extremo del gel. Cuanto más grande es el fragmento, más lentamente se mueve.

Los pequeños fragmentos se mueven rápidamente entre las moléculas del gel, mientras que los fragmentos más grandes trabajan más difícilmente para conseguir moverse a través del gel.

3.3.4. Amplificación de ADN

Los pares de cebadores utilizados se seleccionaron por su polimorfismo, la mayoría contienen repeticiones G-A variables en su tamaño, y fueron desarrollados por Chavarriaga-Aguirre *et al.*, (1998). Han sido utilizados en investigaciones realizadas en Brasil (Sequeira *et al.*, 2009) y en Nicaragua (Argüello, 2012). La estandarización de la temperaturas óptimas de apareamiento de cada uno de los marcadores se determinó realizando gradientes de temperaturas (Anexo 10).

Cuadro 2. Secuencias de los 8 cebadores microsatélites SSR utilizados en la caracterización de 18 genotipos de yuca.

Locus	Secuencia (5' a 3')	Secuencia (3' a 5')	*Ta °C
GA-5	TAATGTCATCGTCGGCTTCG	GCTGATAGCACAGAACACAG	51.1
GA-12	GATTCCTCTAGCAGTTAAGC	CGATGATGCTCTTCGGAGGG	52.5
GA-21	GGCTTCATCATGGAAAAACC	CAATGCTTTACGGAAGAGCC	52.5
GA-126	AGTGGAAATAAGCCATGTGATG	CCCATAATTGATGCCAGGTT	52.5
GA-131	TTCCAGAAAGACTTCCGTTCA	CTCAACTACTGCACTGCACTC	51.1
GA-134	ACAATGTCCCAATTGGAGGA	ACCATGGATAGAGCTCACCG	52.5
SSR-242	TGGGTTCGAAAACAGCAAAC	TAATGCCTGGAGGGTAATGG	56.2
SSRY-100	ATCCTTGCCTGACATTTTGC	TTCGCAGAGTCCAATTGTTG	39.3

Chavariaga-Aguirre et al., 1998

*Ta Temperatura de alineamiento

Para la amplificación de ADN se utilizó una máquina PCR Eppendorf Mastercycler con gradiente termociclador. La mezcla PCR estuvo compuesta por 12.5 µl de PCR Master mix (Taq polimerasa 50 U µl⁻¹, 400 µl de cada uno de los siguientes compuestos: dATP, dGTP, dCTP, dTTP, y 3 mM MgCl₂), 1 µl de cada iniciador hacia delante y reverso, 1 µl de ADN de cada muestra molde proveniente de la extracción 9.5 µl de Mq agua calidad PCR.

Para la amplificación de las muestras en PCR se utilizó el siguiente programa: primera desnaturalización 4 minutos a 95°C, seguido por 40 ciclos de 30 segundos a 95°C en la segunda desnaturalización, 30 segundos a temperatura de alineamiento definidos para cada iniciador, 1 minutos a 72°C en la extensión, y una etapa de extensión final de 10 minutos a 72°C (Siqueira *et al.*, 2009). Finalizando a una temperatura de conservación de 4°C. La reacción de amplificación se corrió en un volumen total de 25 µl por muestra.

3.3.5. Electroforesis

A las cámaras se les adicionó 600 ml de TBE 1X mezclado con 25 µl de bromuro de etidio, posteriormente se preparó gel de agarosa metaphor, se vertió en la carcasa, se le colocó una peineta de 20 cm cada diente y se dejó secar durante 20 minutos.

Se colocaron en las cámaras de electroforesis Plus y se retiraron las peinetas y en cada uno de los pozos se inyectó 4 μ l de 6x loading y 16 μ l de ADN producto PCR respectivo por marcador, excepto en cada uno de los primeros extremos de la gel donde se cargó el primer y último pozo con 4 μ l de regla de ADN con capacidad de más de 100 pares de bases (pb) y menos de 1000 (pb), se dejó correr a 90 voltios, 330 amperios y 120 minutos (Anexo 10a).

Todos los fragmentos de ADN productos de PCR, se visualizaron y cuantificaron al obtener la fotografía de las geles de agarosa metaphor al 2% (Anexo 10c).

3.3.6. Tamaño de los fragmentos

Transcurrido el tiempo en la electroforesis se llevó la gel al UPV tras luminador Launch Doc-ITL (Anexo 10b), con cámara Canom de 12.5 mega pixeles, para tomar fotografías las cuales fueron visualizadas con el programa lonch Doc-ITLS software de análisis de imagen, donde se identificaron las bandas de ADN, las que se midieron utilizando el programa Paint a un aumento de 300% mediante cuadrículas y regla con unidad de medidas en pixeles observando la regla de ADN Ladder utilizado en las geles (Anexo 9).

3.3.7. Análisis de datos provenientes del análisis molecular

➤ Diversidad Genética

Para evaluar la diversidad genética se estimaron los parámetros siguientes: número de alelos por locus, (N_a), heterocigosidad esperada (H_{esp}), heterocigosidad observada (H_{obs}) y la frecuencia alélica (P_i). Estos cálculos fueron obtenidos haciendo uso del programa GenAlex versión 6 (Peakall y Smouse, 2006)

➤ Número de alelos por locus (N_a)

Constituye todas las formas alternativas que puede presentar un gen en un locus. Se determina por conteo directo de alelos diferentes para cada locus en cada grupo. Este parámetro se determinó con el software de GenAlex versión 6 (Peakall y Smouse, 2006)

➤ Heterocigosidad observada (H_{obs})

Equivale a la proporción de individuos que presenta un par de alelo diferente, es decir, que son heterocigotos, mediante conteo directo, para cada locus en un grupo (Casalla, 2003).

➤ *Heterocigosidad esperada (H_{esp})*

Es llamada también índice de diversidad de Weir y estima la proporción de individuos que se espera sean heterocigotos para cada locus en un grupo (Casalla, 2003).

➤ *Frecuencia alélica*

Es el número de veces que se observa un alelo, dentro del total de alelos para un locus. Es usada para describir toda la información genética presente en un locus (Casalla, 2003).

➤ *Índice de Shannon (I)*

Para el análisis de diversidad se utilizó el método de índice de Shannon el cual consiste en determinar la diversidad de especies o individuos a través de comparaciones. El índice de Shannon se calculó para cada locus usando versión del software GenAlex versión 6 (Peakall y Smouse, 2006).

➤ *Contenido de información polimórfica (CIP)*

Para calcular el contenido de información polimórfica (CIP), se usó la siguiente fórmula propuesta por (Anderson *et al.*, 1993), Citado por Arguello (2012), se calculó para cada locus usando versión del software GenAlex versión 6 (Peakall y Smouse, 2006).

3.3.8. Estructura genética

➤ *Análisis molecular de varianza*

Para cuantificar la diversidad genética se utilizó el análisis molecular de varianza, es un marco de referencia para la estimación de estructura genética a partir de la información contenida en la frecuencia alélica, y el estimador de F-estadística (FST) y a partir de ella se obtienen los componentes de covarianza asociados con posibles niveles de estructura genética, según lo descrito por (Weir Cockerham, 1984), utilizando el software GenAlex versión 6 (Peakall y Smouse, 2006).

➤ *Análisis de conglomerado*

La representación gráfica de los genotipos al compararlos entre sí fue obtenida, a través del análisis de conglomerados (Unweigthed Pair Group Method with Arithmetic Mean) y el método UPGMA generado por Jaccard, usando ocho pares de indicadores microsatélites.

IV. RESULTADOS Y DISCUSIÓN

4.1. Caracterización morfológica

4.1.1. Variables cuantitativas

Los descriptores cuantitativos están determinados por algunos o muchos pares de genes; además son influenciados por el medio ambiente y no son reconocibles el efecto de cada gen individual, sino que solamente se conoce la suma de los efectos génicos (Rodríguez, 1981). En esta investigación se tomaron en cuenta 16 variables cualitativas.

4.1.1.1. Altura de planta, (ALPL)

Según el Centro Internacional de Agricultura Tropical (1987) la altura de la planta no tiene efecto sobre el rendimiento, tampoco es un carácter específico para cada variedad. Agronómicamente, la diferencia de plantas entre variedades no tiene ninguna influencia sobre el interés del productor (Chavarría, 2003).

Los genotipos GEN3, GEN4, GEN12, GEN13, GEN17 y GEN18 mostraron un rápido crecimiento inicial y GEN5, GEN6, GEN8, GEN9 y GEN10 un lento crecimiento.

Hubo diferencias significativas dentro de los bloques y genotipos. Los genotipos GEN3, GEN4, GEN7, GEN12 y GEN13 presentaron mayor altura al momento de cosecha (última medición) y los mejores resultados de Chavarría fueron las variedades Pata de paloma (294.17 cm) y Campeona (270.97 cm).

Un dato importante de señalar, es que los genotipos GEN13 y GEN18 crecieron menos que los otros genotipos en la cuarta y última toma de datos, esto pudo haber sucedido posiblemente, porque en la etapa inicial presentaron crecimiento rápido en relación a los otros genotipos, lo que fisiológicamente le pudo afectar (Fig 2).

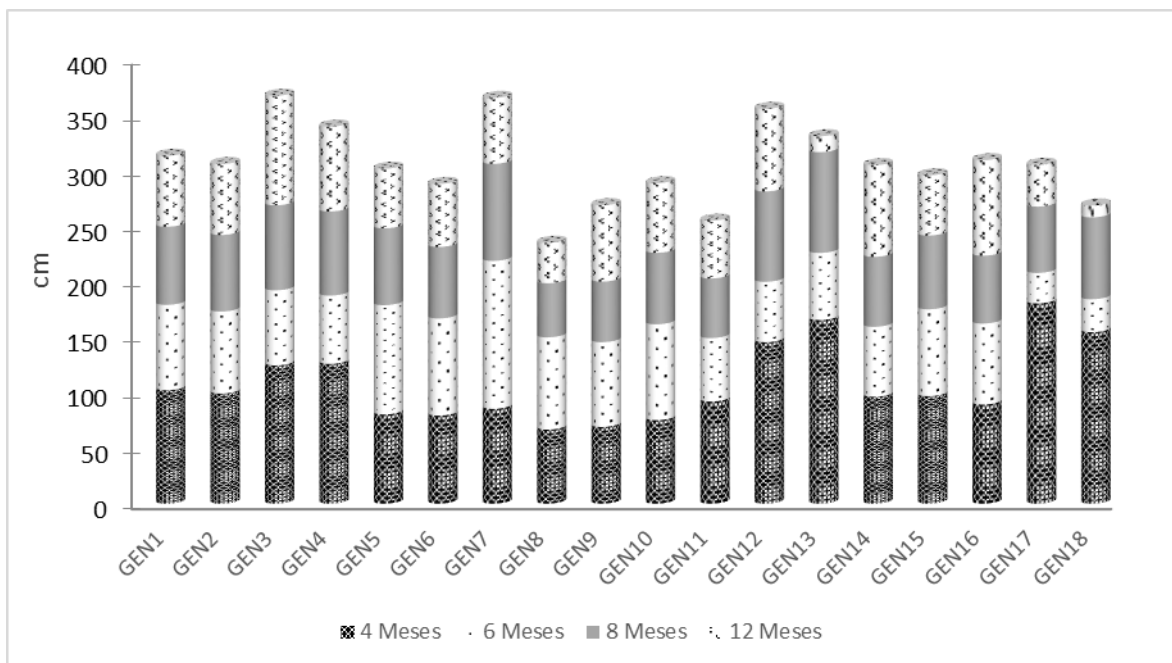


Figura 2. Representación gráfica con altura de planta de 18 genotipos de yuca a los 4, 6, 8 y 12 meses, establecidos en la RACCS, Nicaragua, 2015-2016.

4.1.1.2. Diámetro de tallo, (DTAL)

Domínguez (1979), muestra que el diámetro del tallo varía según la edad de la planta y la variedad.

Hubo diferencias significativas dentro de los 18 genotipos. A los 12 meses los genotipos GEN1, GEN7 y GEN14 sobresalieron siendo iguales estadísticamente entre sí, con un grosor mayor para el GEN1 de 3.38 cm. Los genotipos GEN10, GEN2 y GEN4 registraron menores grosores 2.46, 2.64 y 2.68 cm respectivamente (Fig 3).

Duarte y Figueroa (2008), registraron menor diámetro de raíz con promedios de 3.175 versus 2.64 cm en este estudio.

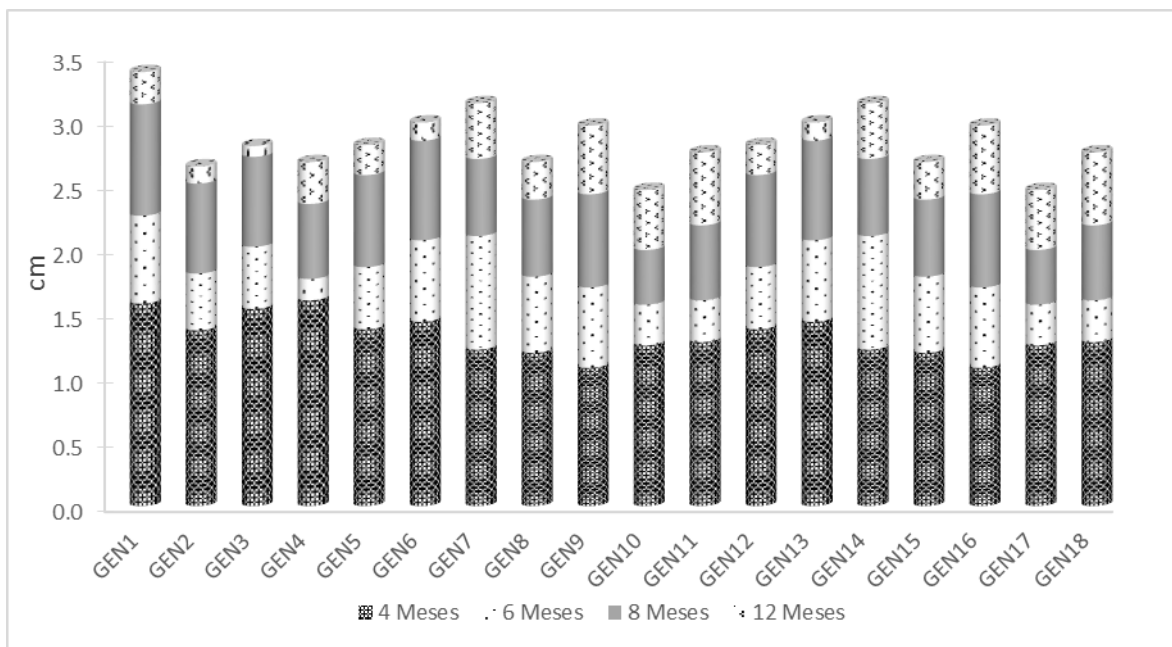


Figura 3. Representación gráfica del diámetro de tallo de 18 genotipos de yuca a los 4, 6, 8 y 12 meses, establecidos en la RACCS, Nicaragua, 2015-2016.

4.1.1.3. Altura de la primera ramificación, (ALPR)

Según el CIAT (1987) el patrón de ramificación de la planta de yuca varía en los distintos cultivares. Otra característica importante de la ramificación son la altura de la primera ramificación y el ángulo formado entre las ramas de la primera ramificación y el tallo principal.

Este estudio reflejó diferencias significativas en los 18 genotipos estudiados, ($p \geq 0.001$). Los genotipos en 6 diferentes categorías estadísticas.

Los genotipos GEN15, GEN3 y GEN4 registraron las mayores alturas con 216.58, 210.33 y 200.08 cm respectivamente. El genotipo GEN18 registró la menor altura con 49.08 cm (Cuadro 3). En comparación a los datos obtenidos por Chavarría (2003) en estudio realizado en el trópico húmedo pero con diferentes genotipos, los mayores resultados (126.62 cm), no superaron la altura encontrada en el presente estudio (216.5 cm), sin embargo, la menor altura encontrada por Chavarría (2003), 84.95 cm, superó el valor obtenido en esta investigación 58.66 cm.

4.1.1.4. Longitud entre nudo, (LEN)

Chavarría (2003) encontró que entre mayor sea la longitud de entrenudos, mayores rendimientos con calidad de exportación se obtendrán. Por tanto, existe relación directa y positiva.

En este estudio existe diferencia significativa entre los genotipos. Los genotipos GEN3, GEN7 y GEN14 registraron los valores más altos con 3.21, 2.65 y 2.61 cm respectivamente. Los genotipos GEN18, GEN8 y GEN11 con valores promedio de 2.06, 2.10 y 2.18 cm respectivamente. El 72.22% de los genotipos tienen valores en categorías intermedias según la separación de medias (Cuadro 3).

4.1.1.5. Longitud del lóbulo central, (LLC)

Según Montaldo (1983) la forma del lóbulo puede ser aovada o lineal y se dividen en largos cuando miden 17 cm de longitud, medios de 14-17 y cortos menos de 14 centímetros, en los tipos ramificados la longitud de los lóbulos centrales varía de 20-30 cm en los pocos ramificados de 20-40 cm.

El promedio 12.01 cm encontrado en el presente estudio se consideró como una longitud corta en comparación con la información antes descrita. Los genotipos GEN1, GEN14 y GEN3 presentaron la mayor longitud con 15.16, 13.94 y 13.83 cm, caso contrario de los genotipos GEN18, GEN9 y GEN16 con menor longitud 9.71, 8.83 y 8.80 cm (Cuadro 3).

Cuadro 3. Altura de la primera ramificación (ALPR), longitud entre nudo (LEN), longitud del lóbulo central (LLC) de los 18 genotipos de yuca, establecidas en la RACCS, Nicaragua, 2015-2016.

ALPR			LEN			LLC		
Genotipos	Medias	Categorías	Genotipos	Medias	Categorías	Genotipos	Medias	Categorías
15	216.58	a	3	3.21	a	1	15.16	a
3	210.33	a	7	2.65	b	14	13.94	ab
4	200.08	ab	14	2.61	bc	3	13.83	ab
7	195.33	b	4	2.57	bcd	7	13.29	bc
2	163.33	bc	1	2.55	bcd	2	12.82	bc
5	163.08	bc	15	2.49	bcd	6	12.73	bc
14	159.92	bc	9	2.48	bcd	4	12.71	bc
8	140.50	cd	16	2.48	bcd	8	12.71	bc
12	140.48	cd	5	2.42	bcd	12	12.44	bcd
11	138.17	cd	2	2.40	bcd	5	12.38	bcd
17	130.19	cd	10	2.33	bcd	11	12.03	cde
16	127.33	cd	6	2.32	bcd	13	11.74	cde
1	119.00	cd	13	2.30	bcd	17	11.04	def
13	114.48	de	17	2.23	bcd	15	10.53	ef
6	105.25	de	12	2.19	bcd	10	10.51	ef
9	74.08	ef	11	2.18	bcd	16	9.71	fg
10	52.83	f	8	2.10	cd	9	8.83	fg
18	49.08	f	18	2.06	d	18	8.80	gg
Bloque, Pr	0.0027		Bloque, Pr	0.7642		Bloque, Pr	0.0371	
Genotipo, Pr	0.0001		Genotipo, Pr	0.0001		Genotipo, Pr	0.0001	
Pr	28.01		CV (%)	17.65		CV (%)	11.98	
CV (%)	0.66		R2	0.30		R2	0.65	

4.1.1.6. Longitud del pecíolo, (LOPE)

El pecíolo forma parte de la hoja y se encuentra ubicado entre el tallo y el limbo, sirve de sostén al limbo (Montaldo 1983). Hubo diferencias significativas entre genotipos, mostrando al GEN14 GEN1 y GEN6 en las primeras categorías con el peciolo más largo 17.71, 16.45 y 13 cm respectivamente y los GEN16, GEN10 y GEN18 con el peciolo más corto, 10.88, 10.84 y 10.16 cm. Hubo diferencia de casi 7 cm entre el mayor y el menor (Cuadro 4).

4.1.1.7. Grosor de la médula central del tallo, (GMCT)

Según Tasaka, Kato y Fukaki (1999) la médula es una región que ocupa la parte más interna del tallo, y puede estar hueca (sin tejidos). Con un corte transversal del tallo se muestra la médula central blanquecina, el anillo de leño o madera, la felodermis y la epidermis; las cuales forma la corteza.

Hubo diferencias significativas entre los genotipos GEN12, GEN4 y GEN7 los cuales presentaron el mayor grosor de médula 1.12, 0.97 y 0.93 mm respectivamente Los genotipos GEN10, GEN9 y GEN5 con 0.58, 0.64 y 0.68 mm (Cuadro 4).

4.1.1.8. Grosor del leño del tallo, (GTL)

Según Montaldo (1983) el tallo es muy ligero, se rompe fácilmente y tiene una corteza delgada que se quita sin dificultad. Los vasos leñosos están compuestos por haces fibrosos y paredes delgadas.

Se registraron diferencias significativas entre los genotipos clasificando a los genotipos GEN1, GEN3 y GEN12 en las primeras categorías estadísticas con promedios de 1.29 mm; caso contrario de los genotipos GEN13, GEN16 y GEN10 con promedio de 0.66 mm (Cuadro 4).

Cuadro 4. Longitud del peciolo (LOPE), grosor de la médula central del tallo (GMCT), grosor del tallo leñoso (GTL) de los 18 genotipos de yuca, RACCS, Nicaragua, 2015-2016.

LOPE			GMCT			GTL		
Genotipos	Medias	Categorías	Genotipos	Medias	Categorías	Genotipos	Medias	Categorías
14	17.71	a	12	1.12	a	1	1.67	a
1	16.45	ab	4	0.97	ab	3	1.16	b
6	16.13	abc	7	0.93	abc	12	1.04	bc
12	14.76	abcd	17	0.88	abc	6	0.97	bcd
3	14.38	bcde	16	0.85	abc	7	0.95	bcd
2	13.82	bcde	11	0.83	abc	5	0.93	bcd
8	13.53	bcdef	15	0.80	abc	2	0.91	bcd
17	13.36	bcdef	3	0.80	abc	17	0.89	bcd
4	13.30	bcdef	2	0.78	bc	14	0.88	bcd
5	13.21	bcdef	6	0.78	bc	4	0.83	bcd
13	12.96	cdef	8	0.78	bc	11	0.82	bcd
7	12.26	def	13	0.75	bc	8	0.82	bcd
11	12.01	def	14	0.74	bc	15	0.74	cd
9	11.13	ef	18	0.71	bc	9	0.74	cd
15	11.08	ef	1	0.71	bc	18	0.72	cd
18	10.88	ef	5	0.68	bc	10	0.71	cd
10	10.84	ef	9	0.64	bc	16	0.68	cd
16	10.16	f	10	0.58	c	13	0.61	d
Bloque, Pr	0.6707		Bloque, Pr	0.0707		Bloque, Pr	0.5376	
Genotipo, Pr	0.0001		Genotipo, Pr	0.0282		Genotipo, Pr	0.0001	
C V (%)	22.63		C V (%)	34.32		C V (%)	31.53	
R ²	0.37		R ²	0.19		R ²	0.44	

4.1.1.9. Peso total de la parte terrestre de la planta, (PTPT)

Hubo diferencias altamente significativas entre los genotipos. El genotipo GEN1 registró 17.14 kg y el genotipo GEN10 el valor más bajo con 5.83 kg. El promedio general de los 18 genotipos evaluados fue 10.54 kg (0.01054 tn), lo cual se encuentra por debajo del rango mencionado por Lozano (1977) quien reporta fluctuaciones del rendimiento en ocho localidades por tres años, donde el rendimiento varía de 9–31 ton/ha⁻¹ con desviación estándar de 2.7–11.6 y coeficientes de variación de 9.7–59.2 % (Cuadro 5).

4.1.1.10. Peso de la parte aérea de la planta, (PPAP)

Hubo diferencias estadísticas significativas entre los genotipos, siendo el de mayor peso para este carácter los GEN12 GEN7 y GEN18 con 12.03, 9.97 y 9.59 kg respectivamente y en las ultimas categorías se coloca el GEN16, GEN10 y GEN15 con valor de 6.52, 4.53 y 4.49 kg (Cuadro 5).

El genotipo GEN12 presentó un peso de la parte aérea superior en relación al peso más próximo que él fue el GEN7, siendo este hasta más de dos kilogramos.

4.1.1.11. Peso de toda la planta (PTP)

Según CIAT (1989) y Montaldo (1983) existen diferencias entre los genotipos de yuca, de acuerdo a las condiciones agro climáticas en las cuales se desarrolla, reportan rendimientos máximos de 64 t ha⁻¹ y mínimos de 2.6 t ha⁻¹ en dependencia de la variedad, aunque existen pocas variedades que pueden producir 80 t ha⁻¹.

Se encontraron diferencias significativas entre los genotipos. Siendo los GEN12, GEN1 y GEN17 con mayor peso y se colocaron en las primeras categorías 28.59, 26.43 y 25.77 kg respectivamente; y en las últimas categorías se encuentran a los genotipos GEN16, GEN15 y GEN10 con 13.59, 11.77 y 10.36 kg. (Cuadro 5)

Cuadro 5. Peso total de la parte terrestre de la planta (PTPT), peso de la parte aérea de la planta (PPAP), peso total de la planta (PTP) de los 18 genotipos de yuca, RACCS, Nicaragua, 2015-2016.

PTPT			PPAP			PTP		
Genotipo	Medias	Categorías	Genotipo	Medias	Categorías	Genotipo	Medias	Categorías
1	17.14	a	12	12.03	a	12	28.59	a
17	16.71	a	7	9.97	ab	1	26.43	ab
12	16.62	a	18	9.59	abc	17	25.77	ab
13	14.35	ab	13	9.39	abc	13	23.69	abc
6	11.81	bc	1	9.29	abc	6	20.55	bcd
5	11.34	bc	17	8.83	bc	5	20.13	bcde
2	10.99	bcd	3	8.83	bc	2	18.92	cde
3	10.07	cde	5	8.78	bc	7	18.82	cde
4	9.79	cdef	6	8.66	bc	3	17.93	cdef
7	9.73	cdef	8	8.13	bc	4	17.63	cdef
8	9.13	cdef	2	7.93	bc	8	17.26	cdef
14	8.93	cdef	9	7.09	bcd	18	16.47	defg
11	8.18	cdef	14	7.04	bcd	14	15.97	defg
9	8.16	cdef	4	7.00	bcd	9	15.50	defg
15	7.28	def	11	6.55	cd	11	14.82	defg
16	7.08	def	16	6.52	cd	16	13.59	efg
18	6.64	ef	10	4.53	d	15	11.77	fg
10	5.83	f	15	4.49	d	10	10.36	g
Bloque, Pr	0.0025		Bloque, Pr	0.1867		Bloque, Pr	0.0165	
Genotipo, Pr	0.0001		Genotipo, Pr	0.0001		Genotipo, Pr	0.0001	
C V (%)	33.31		C V (%)	32.40		C V (%)	31.30	
R ²	0.49		R ²	0.35		R ²	0.42	

4.1.1.12. Longitud media de la raíz, (LMR)

La distribución de las raíces tuberosas alrededor de las estacas es desuniformes y tienen por lo general una dirección de crecimiento de forma oblicua, los cuales presentaron tamaños entre 20 y 50 cm de largo (INTA, 2004). Montaldo, (1983) refieren que este carácter al igual que el diámetro de las raíces es influenciado por el medio ambiente.

Hubo diferencias significativas entre los genotipos, teniendo las raíces más largas los genotipos GEN1, GEN3 y GEN8 con 31.67, 29.37 y 28.19 cm respectivamente. Se coincide con el rango encontrado por Montaldo, (1983) y los genotipos GEN10, GEN7 y GEN18 con 19.58, 17.10 y 16.17 cm los de menor longitud de raíz (Cuadro 6).

Dávila y Sandoval (2006) presentan resultados de 26.41 cm los que superan a la mayoría de los genotipos en este estudio, pero en cuanto a diámetro de raíz, la presente investigación alcanzó ligeramente mayores valores (promedios de 5.76 cm versus 5.57 cm). Por lo tanto, los valores en diámetro y longitud de raíces en Posoltega con diferentes genotipos, versus los encontrados en el Caribe Sur, indican que la deficiencia de precipitación en occidente obliga a las raíces a prolongarse en busca de humedad para el llenado del fruto (raíz), sucediendo lo contrario en el Caribe sur, debido a que es una zona muy húmeda. Finalmente, los materiales genéticos utilizados por Dávila y Sandoval (2006) fueron traídos del CIAT, lo que supone que presentaban un mayor nivel de mejoramiento genético, por lo tanto, habría que esperar mejores resultados de longitud y diámetro de raíz. Sin embargo, al comparar los resultados obtenidos por Dávila y Sandoval (2006) con los obtenidos en este estudio, existen 6 genotipos con longitudes mayores; GEN1, GEN3, GEN8, GEN5, GEN2, GEN4 y 8 genotipos mucho mejores en diámetro de raíz; GEN12, GEN1, GEN17, GEN6, GEN7, GEN13, GEN15, GEN5.

4.1.1.13. Diámetro medio de la raíz, (DMR)

Existe muy poca literatura en relación al diámetro de raíz, a pesar de que tiene que ver en gran medida con el rendimiento. Según Dávila y Sandoval (2006) el diámetro de las raíces es muy variable y va de 5–10 cm. El CIAT (1987) menciona que este carácter está influenciado por el medio ambiente.

Los genotipos GEN12, GEN1, GEN17 y GEN6 presentaron mayor diámetro con 7.18, 6.99, 6.77 y 6.75 cm respectivamente. Los genotipos GEN3, GEN9 y GEN16 con 4.87, 4.54 y 4.31 cm (Cuadro 6). La presente investigación superó los valores más altos de Dávila y Sandoval (2006) con promedios de 5.76 cm versus 5.57 cm. Además, obtuvieron diámetro máximo (6.92 cm), los datos obtenidos en el estudio, reflejan un diámetro de mayor valor (7.18 cm), caso contrario del valor mínimo, que es superado por el valor obtenido por Dávila y Sandoval (2006) 4.40 cm versus 4.31 cm.

Cuadro 6. Longitud media de raíz (LMR), diámetro medio de raíz (DMR) de los 18 genotipos de yuca, RACCS, Nicaragua, 2015-2016.

LMR			DMR		
Genotipo	Medias	Categorías	Genotipo	Medias	Categorías
1	31.67	a	12	7.18	a
3	29.37	ab	1	6.99	ab
8	28.19	abc	17	6.77	ab
5	27.87	abc	6	6.75	ab
2	27.86	abc	7	6.14	bc
4	27.01	abcd	13	5.76	cd
14	24.75	bcde	15	5.63	cd
6	24.00	bcde	5	5.62	cd
17	22.94	cdef	11	5.27	de
13	22.48	cdefg	4	5.16	def
12	22.03	cdefg	10	5.15	def
11	21.75	cdefg	14	5.08	def
15	21.33	defg	18	5.05	def
9	20.75	defg	2	5.02	def
16	19.70	efg	8	4.94	def
10	19.58	efg	3	4.87	def
7	17.10	fg	9	4.54	ef
18	16.17	g	16	4.31	f
Bloque, Pr	0.2927		Bloque, Pr	0.0281	
Genotipo, Pr	0.0001		Genotipo, Pr	0.0001	
C V (%)	21.98		C V (%)	13.88	
R ²	0.42		R ²	0.56	

4.1.1.14. Número de la raíces por planta (NRPL)

El CIAT (1987) estima que la planta de yuca es tolerante al ataque de enfermedades e insectos que pueden causarle la reducción del número de raíces. El presente estudio no reveló daños severos de ataque de insectos que pudieron haber afectado la producción de raíces comerciales.

Hubo diferencia significativa en el número de raíces entre los genotipos. Los GEN17, GEN9 y GEN13 fueron agrupados en las mejores categorías mostrando los mayores valores con 10 raíces por plantas, y el GEN6 y GEN10 con 6 raíces por planta (cuadro 7).

Los genotipos GEN17, GEN9, GEN13 y GEN16 presentaron los mayores valores de raíces no comerciales y los menores valores encontrados correspondieron al resto de los genotipos.

Los genotipos GEN17, GEN9 y GEN13 fueron los que obtuvieron el mayor valor de NRPL, con 8 raíces por plantas. Los genotipos GEN5, GEN10, GEN6 se colocaron en la última categoría con 6 raíces por plantas (Cuadro 7).

Cuadro 7. Número de raíz por planta total (NRPL Total), número de raíz por planta no comercial (NRPL No comercial) y número de raíz por planta comercial (NRPL Comercial) de los 18 genotipos de yuca, RACCS, Nicaragua, 2015-2016.

NRPL Total			NRPL No comercial			NRPL Comercial		
Genotipo	Medias	Categoría	Genotipo	Medias	Categoría	Genotipo	Medias	Categoría
17	10.36	a	17	2.15	a	17	8.21	a
9	10.25	a	9	2.05	a	9	8.20	a
13	10.02	a	13	2.01	a	13	8.01	a
16	9.42	ab	16	2.00	a	16	7.40	ab
18	7.69	bc	18	1.55	b	18	6.14	bc
12	7.69	bc	12	1.55	b	12	6.14	bc
7	7.33	bc	7	1.47	b	7	5.87	bc
2	7.00	c	2	1.40	b	2	5.60	bc
4	6.92	c	4	1.38	b	4	5.53	c
14	6.67	c	14	1.33	b	14	5.33	c
8	6.58	c	8	1.32	b	8	5.27	c
3	6.42	c	3	1.28	b	3	5.13	c
11	6.33	c	11	1.27	b	11	5.07	c
15	6.17	c	15	1.23	b	15	4.93	c
1	6.08	c	5	1.22	b	1	4.87	c
5	6.08	c	10	1.20	b	5	4.87	c
10	6.00	c	1	1.20	b	10	4.80	c
6	5.75	c	6	1.15	b	6	4.60	c
Bloque, Pr	0.0750		Bloque, Pr	0.0262		Bloque, Pr	0.1029	
Genotipo, Pr	0.0001		Genotipo, Pr	0.0001		Genotipo, Pr	0.0001	
C V (%)	27.93		C V (%)	28.10		C V (%)	28.26	
R ²	0.36		R ²	0.39		R ²	0.35	

4.1.1.15. Peso de raíz por planta, (PRPT)

El CIAT (1989) recomienda que las oportunidades de mejorar la productividad del cultivo de la yuca son numerosas, sin embargo, los objetivos deberían ser cuidadosamente seleccionados de acuerdo con lo que se considere que daría una mejor contribución al incremento de la producción nacional. Se espera que los centros de investigación produzcan variedades altamente rendidoras y resistentes al mayor número de plagas y enfermedades.

El análisis de varianza se reveló diferencias significativas en el peso de raíz total, peso de raíz comercial y peso de raíz no comercial. Los mayores pesos de las raíces lo registraron los genotipos GEN17 y GEN1 mostrando ser superiores al resto, con un peso promedio de 3.29 kg por planta. Le siguieron los genotipos GEN12 y GEN13 con pesos de 2.83 y 2.39 kg respectivamente. El genotipo GEN10 fue el de menor promedio, presentando un peso total de raíces en la categoría G con un valor de 1.04 kg.

En el caso de raíces no comerciales (PRPT Comercial) hubo 6 categorías estadísticas. El GEN17 y GEN1 con pesaron 0.69 y 0.61 kg. Por otro lado, de igual manera se observan los mismos genotipos para la variable peso de raíces comerciales con 2.61 y 2.42 kg. El genotipo GEN10 se mantiene para la variable peso de raíces no comerciales en la categorías F con una media de 0.22 kg, y para el peso de raíces comerciales en la categoría H con valor de 0.84 kg (Cuadro 8).

Cuadro 8. Peso de la raíz en peso total (PRPT Total), peso de raíz comercial (PRPT No comercial) y peso de raíz no comercial (PRPT Comercial) de los 18 genotipos de yuca, RACCS, Nicaragua, 2015-2016.

PRPT Total			PRPT No comercial			PRPT Comercial		
Genotipo	Medias	Categoría	Genotipo	Medias	Categoría	Genotipo	Medias	Categoría
17	3.29	a	17	0.69	a	17	2.61	a
1	3.02	ab	1	0.61	ab	1	2.42	ab
12	2.83	abc	12	0.58	abc	12	2.25	abc
13	2.39	bcd	13	0.49	bcd	13	1.90	bcd
6	2.16	cde	18	0.48	bcd	6	1.74	cde
2	2.02	def	6	0.43	cde	5	1.61	def
5	1.99	def	5	0.40	de	2	1.57	defg
4	1.83	defg	2	0.38	def	4	1.47	defgh
14	1.69	defg	14	0.38	def	7	1.32	defgh
3	1.63	defg	4	0.38	def	8	1.29	defgh
7	1.62	defg	3	0.34	def	3	1.24	efgh
8	1.60	defg	7	0.32	def	9	1.21	efgh
9	1.52	efg	8	0.32	def	14	1.16	efgh
18	1.45	efg	9	0.32	def	11	1.15	efgh
11	1.44	efg	11	0.30	ef	15	1.04	fgh
15	1.30	fg	16	0.26	ef	16	1.00	fgh
16	1.25	fg	15	0.26	ef	18	0.92	gh
10	1.04	g	10	0.22	f	10	0.84	h
Bloque, Pr	0.0019		Bloque, Pr	0.0008		Bloque, Pr	0.0024	
Genotipo, Pr	0.0001		Genotipo, Pr	0.0001		Genotipo, Pr	0.0001	
C V. (%)	38.26		CV (%)	38.13		C V (%)	37.93	
R ²	0.43		R ²	0.43		R ²	0.45	

4.1.1.16. Rendimiento, (Rendi)

Según García y Baldioceda (2003) citado por Dávila *et al.* (2006), la densidad de siembra influye en los rendimientos, de igual manera, el hábito de crecimiento de la planta, su morfología y condiciones ambientales son determinantes. El CIAT (1978) menciona que el rendimiento del cultivo de yuca esta en dependencia de las variedades o genotipos y al mismo tiempo de las condiciones (climáticas y edáficas) la yuca puede llegar a tener un rendimiento de 40 a 50 ton ha⁻¹ bajo condiciones óptimas, sin embargo, en condiciones no tan favorables estos rendimientos bajan significativamente hasta 2.6 ton ha⁻¹. Esto influido también por la variedad.

Hubo efectos significativos en los genotipos evaluados. Los genotipos GEN17, GEN1 y GEN12 fueron los más rendidores con un promedio de 30,416.3 kg ha⁻¹. En cambio, los genotipos que menor respuesta mostraron fueron el GEN18 y GEN10 con un promedio de 11,057.2 kg ha⁻¹ (Cuadro 9).

Cuadro 9. Rendimiento de los 18 genotipos de yuca recolectados en la RACCS, Nicaragua, 2015-2016.

Rendimiento kg ha-1					
Genotipo	Medias	Categoría	Genotipo	Medias	Categoría
17	32,614.58	a	8	16,041.67	e f g h
1	30,239.59	a b	3	15,604.17	e f g h
12	28,395.83	a b c	9	15,145.84	e f g h
13	23,979.17	b c d	14	14,468.75	e f g h
6	21,593.75	c d e	11	14,427.08	e f g h
5	19,906.25	d e f	15	13,010.42	f g h
2	18,520.83	d e f g	16	12,520.83	f g h
4	18,333.33	d e f g h	18	11,562.51	g h
7	16,208.33	e f g h	10	10,552.09	h
Bloque, Pr	<0.001		Bloque, Pr	<0.001	
Genotipo, Pr	<0.001		Genotipo, Pr	<0.001	
C V (%)	25.13		C V (%)	25.13	
R ²	0.74		R ²	0.74	

4.1.1.17. Conglomerados para caracteres morfológicos cuantitativos

Chavarría (2003) manifiesta que el análisis de conglomerados es un método analítico que se puede aplicar para clasificar los genotipos de un germoplasma (o variables) en grupos relativamente homogéneos con base en alguna similitud existente entre ellas, donde la formación de estos grupos puede obedecer a leyes naturales o a cualquier conjunto de características comunes a las accesiones.

El dendrograma a partir del análisis de conglomerados empleando variables cuantitativas determinó similitudes entre los genotipos (Figura 5) revelando que en la primera agrupación se encuentra un sub grupo formado por GEN17, GEN13 y GEN12 se relacionan con las variables PTPT, PPAP, PTP, DMR, NRPL y PRPT (Cuadros 5, 6, y 8) también está el sub grupo asociando los genotipos GEN7 y GEN3 quienes mostraron un comportamiento similar en las variables LEN (Cuadro 3) y ALPT (Figura 3) a los primeros cuatro meses de crecimiento; luego un tercer sub grupo con 12 genotipos; y el genotipo GEN1 presentó mejor comportamiento ante las variables de las variables GTL, LLC, PTPT y LMR.

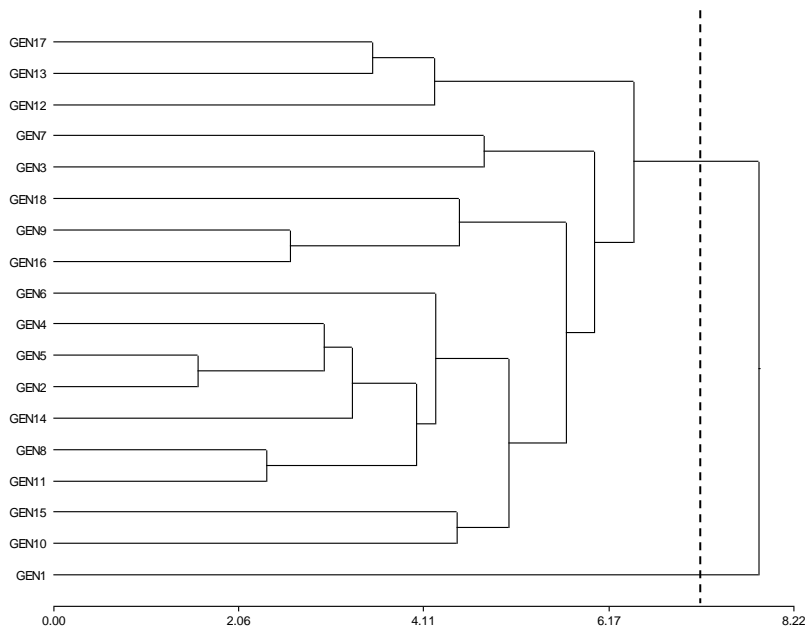


Figura 4. Dendrograma del análisis de conglomerados, empleando 16 variables morfológicas cuantitativas en los 18 genotipos de yuca establecidas en la RACCS, Nicaragua, 2015-2016.

4.1.1.18. Componentes principales para caracteres morfológicos cuantitativos

Según Chavarría (2003) los componentes deben ser interpretados independientemente unos de otros, ya que contienen una parte de la varianza que no está expresada en otro componente principal.

Los GEN13 GEN4 y GEN6 presentaron la mejor relación asociado a las variables de rendimiento PTPT, PTP, PRPT, PRT, DMR, PPAP, seguido del GEN5 GEN7, GEN2, GEN14 y GEN4 se asocian relativamente a las demás variables estudiadas. De acuerdo a la asociación de variables por el ángulo de concordancia, la variable longitud media de la raíz (LMR) es relativamente opuesta al número de raíces por planta (NRPL) mostrando en este contexto que entre mayor sea la ALPL4 podría haber mayor NRPL. Los genotipos GEN10, GEN16, GEN9, GEN18, GEN11, GEN15 y GEN8 son los que menos se asocian a las variables estudiadas, (Anexo 5).

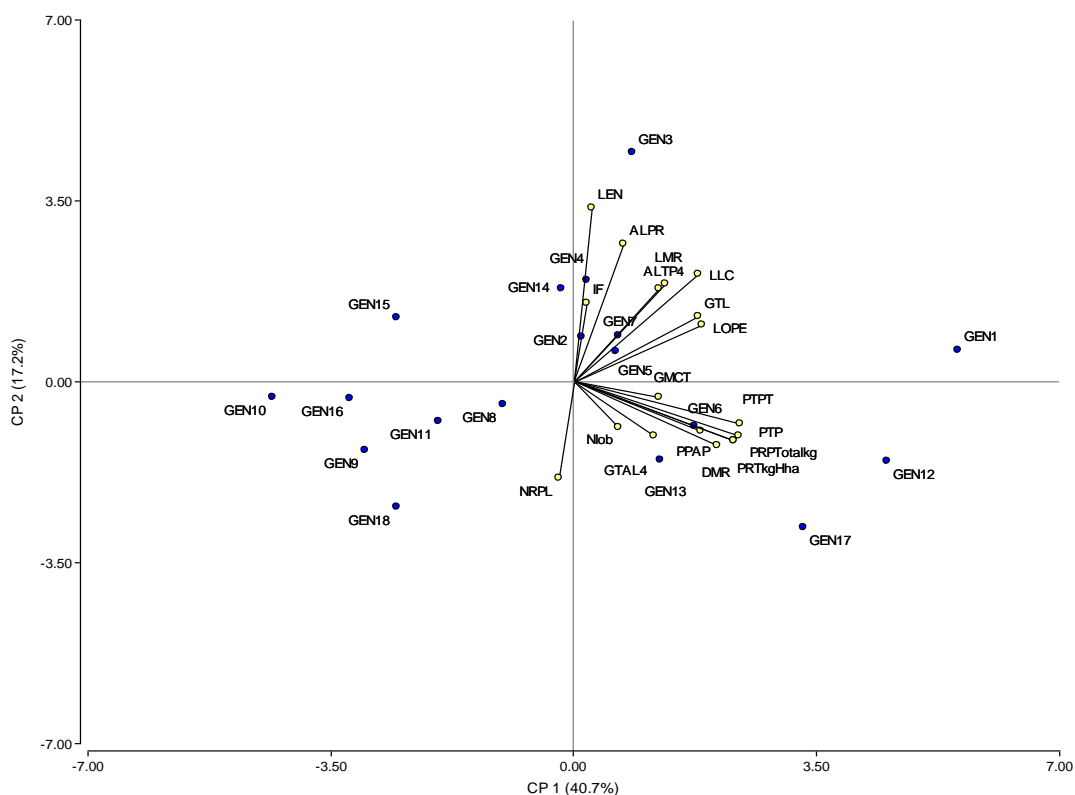


Figura 5. Representación bidimensional generada de componentes principales empleando 16 variables cuantitativas morfológica entre los 18 genotipos de yuca, RACCS, Nicaragua, 2015-2016.

4.1.2. Variables cualitativas

Un carácter asociado con uno o pocos pares de genes se define como cualitativo, y se refiere a los atributos que describen al mismo. Dichos atributos presentan variaciones discontinuas que no son medibles, y la expresión del carácter en general no está determinada por el ambiente, y una vez establecido las características del control genético de las diferencias observadas es posible hacer con mucha exactitud predicciones acerca de las manifestaciones del carácter mismo en las generaciones sucesivas (Marini, 1993)

Los genotipos revelaron mucha diversidad en cuanto a la coloración de la hoja apical (CHA) reflejándose 6 tonalidades, dentro de los cuales el color predominante es el verde amarillo fuerte. Se identificaron 9 tonos para el color del peciolo (CP) con dominancia el color rojo purpúreo y para el color de la epidermis del tallo (CET) se encontraron 6 tonalidades. La mayor parte de los genotipos presentaron el color rojo débil.

El 94.45% de los genotipos mostraron un hábito de crecimiento recto, y el color de rama terminal en planta adulta (CRTPA) en la mayor parte de los genotipos reflejaron un tono verde amarillo fuerte y otras tonalidades como morado amarillo verde. Respecto al hábito de ramificación (HR) el 88% de los genotipos desarrollaron hábito de crecimiento tricotómico; y los genotipos GEN10 y GEN12 (12%) mostraron un hábito de ramificación (dicotómico).

El tipo de planta más utilizada fue (TP) compacta, seguida de planta abierta y solamente el genotipo GEN17 fue un tipo de planta paraguas. La retención de hoja en la cosecha (RHC) más predominante fue de manera regular, seguida de una retención poca y solamente los genotipos GEN1 y GEN6 presentaron buena retención.

El color de la corteza de la raíz se reflejó únicamente el color rosa claro en los 18 genotipos; con respecto a la forma de la raíz y posición de la raíz se identificaron dos clasificaciones, la forma de la raíz más predominante fue la cilíndrica; y PR fue de tendencia horizontal.

Con mayor frecuencia se observó (DPC) deterioro post cosecha con el rango de 5 a 10% de las raíces deterioradas, GEN4, GEN11, GEN13 y GEN16 reflejaron el menor daño de hasta el 5%, siendo el GEN5 el más afectado (Cuadro 10).

Cuadro 10. Valores cualitativos para los caracteres de planta y raíz de los 18 genotipos de yuca, RACCS, Nicaragua, 2015 - 2016.

Genot	CHA	CP	CET	HCT	CRTPA	HR	TP	RHC	CCR	FR	PR	DPC
GEN1	1	1	1	2	1	3	2	1	1	2	2	3
GEN2	1	1	1	1	1	3	1	2	1	3	3	2.5
GEN3	2	2	1	1	2	3	2	2	1	3	2	3
GEN4	2	3	1	1	1	3	1	2	1	3	3	2
GEN5	1	4	2	1	1	3	2	2	1	2	2	3.5
GEN6	2	5	2	1	3	3	1	1	1	3	2	3
GEN7	3	6	3	1	1	3	2	2	1	3	2	3
GEN8	1	6	3	1	1	3	1	3	1	2	3	2.5
GEN9	2	7	4	1	4	3	2	3	1	3	3	3
GEN10	3	7	5	1	4	2	1	3	1	3	2	3
GEN11	1	6	5	1	4	3	1	2	1	2	2	2
GEN12	1	1	5	1	4	2	1	2	1	3	2	3
GEN13	1	3	5	1	4	3	1	2	1	2	3	2
GEN14	1	2	3	1	4	3	1	2	1	2	3	2.5
GEN15	4	8	3	1	1	3	1	3	1	3	3	2.5
GEN16	1	8	1	1	5	3	1	3	1	3	2	2
GEN17	5	9	1	1	1	3	3	3	1	2	3	3
GEN18	6	9	6	1	1	3	2	3	1	3	3	3
Mediana	1	1	1	1	1	3	1	2	1	3	2	3

CHA= Color de hoja apical, CP= Color de peciolo, CET= Color de epidermis del tallo, HCT= Hábito de crecimiento del tallo, CRTPA= Color de la raíz del tallo de la planta, HR= Hábito de ramificación, TP= Tipo de planta, RHC= Retención de hojas en cosecha, CCR= Color de la corteza de la raíz, FR= Forma de la raíz, PR= Posición de la raíz, DPC= Deterioro post cosecha.

4.1.2.1. Análisis de caracteres cualitativos

Chavarría (2003) indica que es importante aclarar que el análisis de conglomerados se aplica sobre una matriz de distancias y no sobre una similitud.

El análisis de conglomerados aplicado a los 18 genotipos de yuca empleando datos cualitativos mostró similitud en la mayoría de los genotipos, formando tres agrupaciones (Figura 6). En la primera agrupación solamente se encuentra GEN6 el cual se considera diferente a los demás por su color del peciolo y presentar buena retención de hojas a la cosecha (Cuadro 10). En un segundo grupo los genotipos GEN2, GEN3, GEN4, GEN5, GEN7, GEN8, GEN9, GEN10, GEN11, GEN12, GEN13, GEN14 y GEN15 con un comportamiento similar entre sí, y en el tercer grupo se encuentra el genotipo GEN1, siendo el único con un hábito de crecimiento de tallo en zigzag, además de presentar buena retención de hojas a la cosecha.

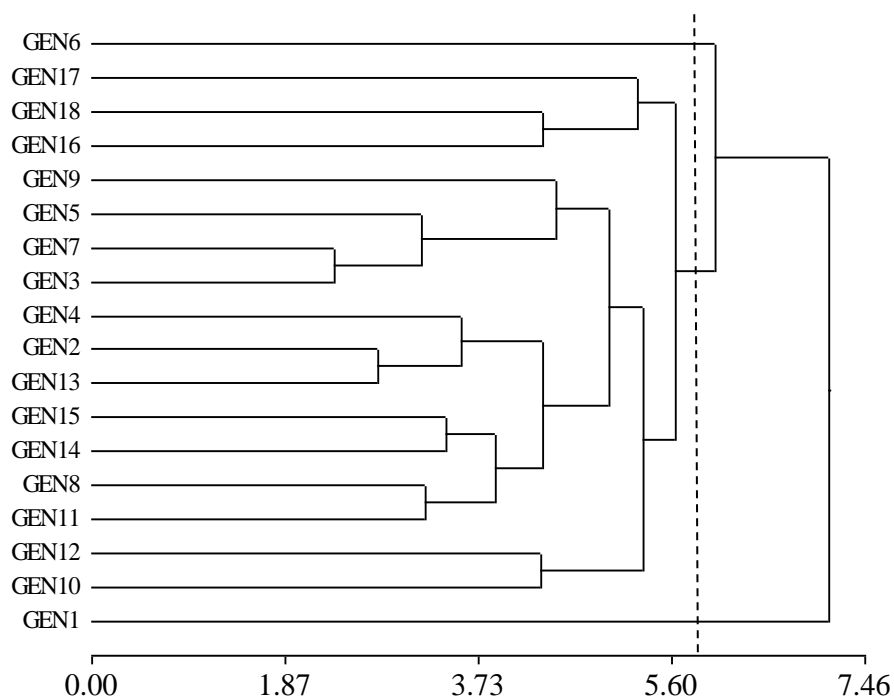


Figura 6. Dendrograma generado del análisis de conglomerados empleando 12 variables cualitativas morfológicas entre los 18 genotipos de yuca establecidas en la RACCS, Nicaragua, 2015-2016.

4.2. Características organolépticas

Montaldo (1983) refiere que no existe diferencia taxonómica entre yuca dulce y amarga ya que el glucósido linamarina que genera el ácido cianhídrico que la distingue es muy variables y depende de las condiciones ecológicas, además agrega que es conveniente registrar las características culinarias. En el presente estudio las variables evaluadas reflejaron que 50% de los genotipos tienen un sabor dulce y apto para el consumo humano seguido de simple con 28% y amarga 22%.

El 77% de los genotipos presentaron una coloración blanca y el 23% coloración crema. El 44% tiene textura firme 28% gomosa y 28% suave (Cuadro 11). Los GEN7 GEN9 GEN12 GEN13 y GEN15 fueron los más aceptados por presentar textura suave.

Cuadro 11. Sabor, color y textura de los 18 genotipos de yuca obtenidos de la encuesta obtenida con productores de yuca, 2015-2016.

GENOTIPO	Características organolépticas		
	Sabor	Color	Textura
	Dulce (D), Simple (S), Amarga (A)	Amarillo (A). Blanco (B), Crema (C)	Firme (F), Gomosa (G), Suave (S)
1	D	B	F
2	D	B	F
3	S	C	G
4	A	B	G
5	S	B	G
6	A	B	F
7	D	C	S
8	S	B	G
9	D	B	S
10	D	B	G
11	D	B	F
12	S	B	S
13	D	B	S
14	A	B	F
15	D	B	S
16	S	B	F
17	A	C	F
18	D	C	F
	D: 9 S: 5 A: 4	A: B: 14 C: 4	F: 8 G: 5 S: 5

4.2.1. Análisis de caracteres organolépticos

El análisis de las características organolépticas reveló tres agrupaciones. La primera agrupación encontró similitud en los genotipos GEN17 y GEN18 con respecto al color crema y textura firme de las raíces evaluadas. En un segundo grupo el GEN14 un genotipo de sabor amargo, color blanco y textura firme.

En la tercera agrupación se ubican la mayoría de los genotipos observando un subgrupo con el GEN9 por estar asociado a la variable sabor dulce y textura suave y otro subgrupo donde se encuentran GEN5 y GEN10 agrupados por su relacionan con el contenido de carbohidratos en un último subgrupo están genotipos (14) agrupados por la amplia mezcla de variabilidad encontrada en ellos (Figura 8).

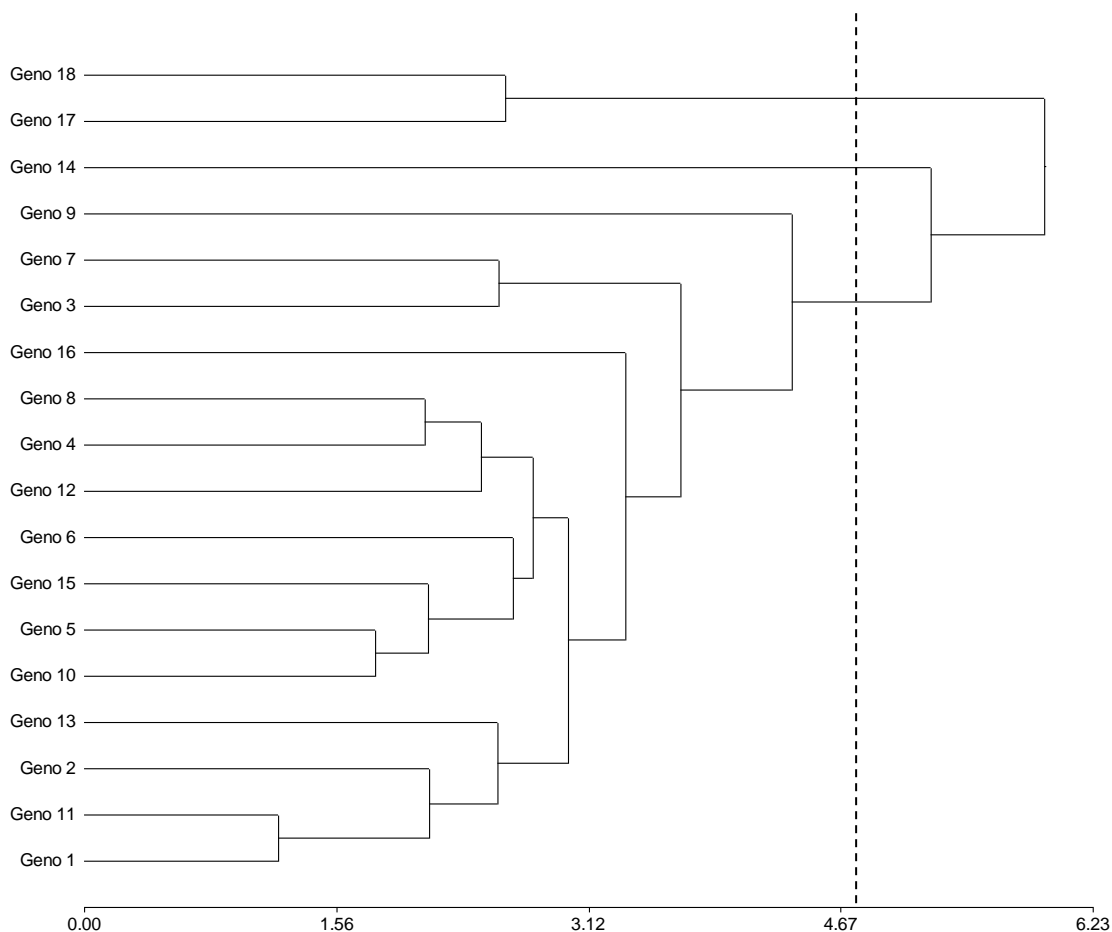


Figura 7. Dendrograma generado del análisis de conglomerado empleando 9 variables organolépticas de los 18 genotipos de yuca, RACCS, Nicaragua, 2015-2016.

4.2.2. Análisis de componentes principales para caracteres organolépticos

Los componentes principales contienen información en diferentes proporciones de todas las variables originales, teniendo en cuenta el tipo de asociación que puede tener dependiendo del ángulo que hay entre los vectores de las variables (Debout, 1996).

El genotipo GEN7 mostro una textura suave, inverso a la proporción de grasa, lo que quiere decir que a menor cantidad de grasa mayor textura. Los genotipos GEN4, GEN6 y GEN8 muestran un comportamiento negativo ante la variable grasa. Según este análisis el genotipo con mejor aceptación tiene por su sabor es el GEN9, seguido por el GEN6. Los genotipos GEN12, GEN13, GEN5 y GEN10 están relacionados por responder más a la textura y carbohidratos. Los genotipos GEN11, GEN1, GEN2, GEN15 y GEN14 no se asocian al contenido bromatológico entre las variables evaluadas (Anexo 6). El GEN17 y GEN18 están asociados al contenido de proteínas. Según el ángulo de los vectores para las variables materia seca y color de fruta son relativamente similares, presentando estas, asociación con la variable ceniza, caso contrario ocurrió con los carbohidratos con proteínas por estar opuestos entre sí (Anexo 7 y Figura 8).

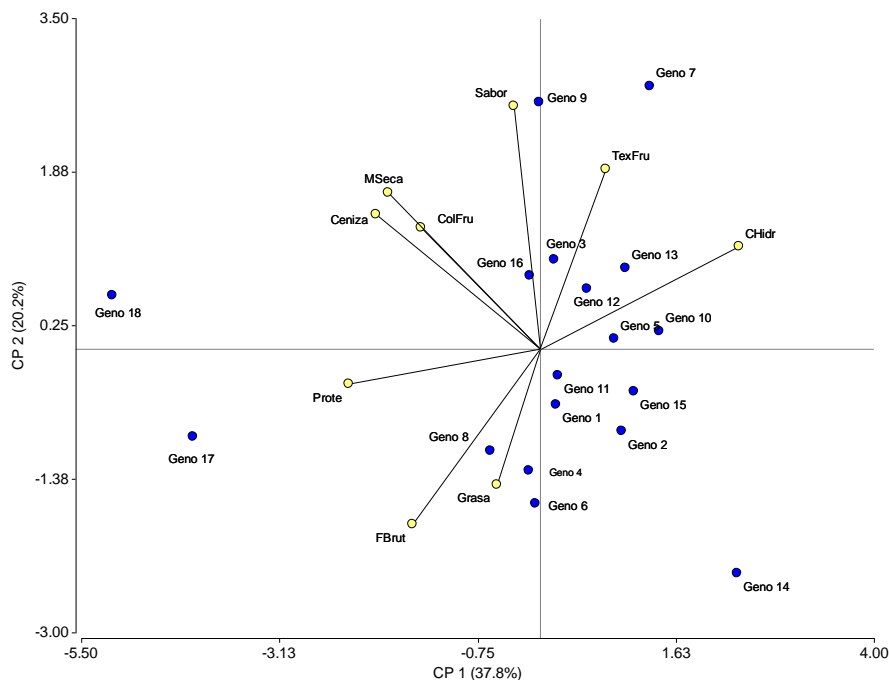


Figura 8. Representación bidimensional generada de componentes principales empleando 9 variables organolépticas de los 18 genotipos de yuca establecidas en la RACCS, Nicaragua, 2015-2016

4.3. Caracterización molecular

4.3.1. Diversidad genética por locus

4.3.1.1. Número de alelos

Se encontraron 81 alelos utilizando 8 cebadores, en 18 genotipos de yuca colectadas en el trópico húmedo caribe sur. Los cebadores revelaron ser discriminativos al identificar alto nivel de polimorfismo para el material de yuca analizado. Casalla (2003), argumenta que un marcador es altamente polimórfico cuando identifica más de dos alelos por locus.

El número de alelos amplificados por locus reflejo valores comprendidos entre 7-15, con un promedio de 10 alelos por locus. En el cebador GA-5 identificó el menor número de alelos con siete, seguido del iniciador GA-12 y SSR-242 identificando 8 alelos cada uno. Los cebadores que identificaron mayor número de alelos fueron el GA-126 y SSRY-100 con 14 y 15 alelos respectivamente.

El valor del rango de número de alelos observados identificados en el presente estudio supero el rango 2-10 encontrado por Beovides *et al.* (2006), esto comprueba que los cebadores usados en este estudio son polimórficos según Chavarriaga-Aguirre *et al.* (1998).

Los cebadores utilizados para la amplificación produjeron fragmentos con rangos de pares de bases entre 107 y 503, el cebador GA-5 identifico los fragmentos con menores rangos comprendido entre 119-151 y el SSR-242 identifico el mayor rango entre 388-503 (Cuadro 12). Los rangos de pares de bases obtenidas fueron muchos mayores a los rangos encontrados en el estudio de Chavarriaga-Aguirre *et al.*, (1998), cuyos valores fueron de 95 a 310 pb en sus respectivos microsatélites utilizados, esto demostró la alta diversidad de estos genotipos.

4.3.1.2. Heterocigosidad observada y esperada

La estimación de heterocigosidad por locus para las diferentes accesiones analizadas, mostraron baja heterocigosidad observada (H_{obs}), con valor promedio de 0.15, variando entre 0.001 a 0.853, estos valores superan a los encontrados en otros estudios utilizando estos marcadores Chavarriaga-Aguirre *et al.* (1998, 1999), citado por (Zaldivar, 2006 y Arguello, 2012). Esto confirma que la yuca por naturaleza es heterocigota y que la forma de reproducción influye en los niveles de heterocigosidad, es decir que al reproducirse de

manera asexual las características genéticas son heredadas de generación en generación, manteniendo heterocigosidad observada, aunque algunas veces es probable que en la determinación del genotipo, el ADN sea no codificante, por lo tanto, no se encontrarían valores muy variables de la heterocigosidad observada.

La heterocigosidad esperada fue alta con un valor promedio de 0.799 (H_{esp}) cuyo valor representa que los niveles de heterocigosidad serían altos si se utilizara el medio de reproducción sexual cruzada, lo que generaría alta diversidad genética. Chavarriaga-Aguirre *et al.* (1998), menciona que en su análisis obtuvieron rangos promedios de H_{esp} de 0.684 y H_{obs} de 0.265. De igual manera, Arguello (2012), obtuvo rangos promedios de H_{esp} de 0.61 y H_{obs} de 0.15, estos resultados fueron semejantes a los obtenidos en este estudio.

El mayor nivel de heterocigosidad esperada fue expresado por el cebador GA-126 con valor de 0.904 y el menor valor lo expreso el marcador GA-12 con 0.674. Estas variaciones se deben a que cada microsatélites codifica una región específica del ADN de cada genotipo y a la variación en el tamaño de cada microsatélites (Cuadro 12).

4.3.1.3. Contenido de Información Polimórfica (PIC)

Estimación de la diversidad que permite clasificar los marcadores genéticos según su nivel de polimorfismo y mide la capacidad discriminatoria de los locis, en dependencia del número de alelos y la frecuencia de cada alelo en el locus marcador (Murillo, 2010, citado por Arguello, 2012).

Con el análisis del PIC se identificó comportamiento alto ($PIC > 0.5$), esto indica que los cebadores fueron muy significativos con la información generada en los locus estudiados. El marcador GA-12 expresó el valor más bajo con 0.583, este fue el marcador que revelo tener el nivel más bajo de polimorfismo. El resto de los marcadores presentaron valores entre 0.680 a 0.825, destacándose con el mayor valor de efectividad de información el marcador GA-126, los datos obtenidos determinaron que los microsatélites utilizados en este estudio fueron altamente polimórficos, esto comprobó lo descrito por (Siqueira *et al.* 2009), quienes seleccionaron 9 marcadores altamente polimórficos, de los cuales 7 fueron incluidos en el presente estudio (Cuadro 12).

4.3.1.4. Diversidad del Índice de Shannon

Este parámetro es típicamente usado para medir el número de especies en una comunidad (la riqueza) y la frecuencia relativa de estas especies. El índice contempla la cantidad de especies presentes en el área de estudio, riqueza de especies, y la cantidad relativa de individuos de cada una de esas especies abundantes (Di Betetti, 2000).

El índice de diversidad de Shannon mostro media de 0.864, el menor valor fue expresado por el marcador GA-12 con rango de 0.804 y el mayor valor el marcador GA-126 con un rango de 0.906, esto indica alta riqueza de individuos presentes en el estudio. Arguello (2012) encontró una media en la diversidad de Shannon de 0.87 exponiendo un rango menor y mayor al utilizar los mismos marcadores de 0.33 y 1.41 respectivamente (Cuadro 12). Los marcadores GA-126 con 0.906 y SSRY-100 con 0.899 presentaron los valores más altos de efectividad y mayor diversidad de individuos en el locus. Los valores encontrados en este estudio coinciden con los encontrados por Arguello (2012).

Cuadro 12. Parámetros de diversidad genética para marcadores microsatelitales, usado en el presente estudio.

Locus	Rango (pb)	Na	Hobs	Hesp	PIC	I
GA-5	119-151	7	0.00	0.798	0.705	0.844
GA-12	145-179	8	0.014	0.674	0.583	0.804
GA-21	122-151	9	0.000	0.807	0.721	0.870
GA-126	180-249	15	0.853	0.904	0.825	0.906
GA-131	107-229	11	0.222	0.800	0.716	0.868
GA-134	296-359	9	0.000	0.786	0.695	0.859
SSR-242	388-503	8	0.000	0.770	0.680	0.863
SSRY-100	205-281	14	0.069	0.854	0.771	0.899
Media	195-263	10	0.144	0.799	0.712	0.864
Desviación Estándar			0.0875	0.1255	0.166875	0.145

Rangos de pares de bases (pb) de microsatélites, número de alelos encontrados (Na), heterocigosidad observada (Hobs), heterocigosidad esperada (Hesp), contenido de información polimórfica (PIC) e índice de Shannon por locus (I).

4.3.1.5. Frecuencia alélica de acuerdo al cebador más y menos polimórficos

La identificación del individuo queda descrita por el conjunto total de alelos obtenidos para cada uno de ellos, llamado patrón alélico. La comparación de patrones alélicos, mediante coeficientes de similitud, permite establecer grupos de individuos con características génicas similares (Pejic *et al.*, 1998).

El cebador GA-126, fue el más polimórfico dentro de los 8 marcadores utilizados identificando un total de 15 alelos diferentes, seguido por los cebadores SSRY-100 Y GA-131 con 14 y 11 alelos respectivamente, y cebador menos polimórfico fue el GA-5 con 7 alelos diferentes (Anexo 12).

4.3.2. Estructura genética

4.3.2.1. Variación genética dentro y entre las poblaciones de yuca a través del análisis molecular de varianza (AMOVA)

Arguello, (2012), encontró baja variabilidad entre poblaciones de yuca y una alta variabilidad dentro de ellas. En el AMOVA realizado para este estudio, considerando los datos generados por los 8 SSR, se encontró diferencias de varianza entre y dentro de las poblaciones (Cuadro 13), en este contexto se detectó mayor porcentaje de variación entre los genotipos (72.01%) y baja variación dentro de ellos (27.99 %). Esto significa que cada genotipo presenta una determinada estructura y por tanto, una alta variabilidad genética individual.

Cuadro 13. Análisis molecular de varianza entre y dentro de las poblaciones de los 18 genotipos de yuca colectados en la RACCS, Nicaragua 2015-2016.

F.V.	SC	gl	CM	Var. Est	% de Variación	p-valor
Pobl	5609,62	17	329,98	36,42	72.01	0,0276
Dentro	5674,25	35	162,12	14.16	27.99	0,0276
Total	11283,87	62	182,01			

Grados de libertad (GL), suma de cuadrados (SC), cuadrado medio (CM), Variación estándar (Var. Est.), porcentaje de variación (% de Variación)

4.3.3. Análisis de conglomerado para características moleculares

En este análisis se identificaron dos grandes grupos con cierto grado de similitud entre cada uno de ellos, lo que confirma su diversidad genética, presentando un coeficiente de

correlación confenética de 0.88, encontrándose dentro de los rangos citados por (Zambrano, 2002, y Arguello, 2012), en sus estudio de diversidad genética de una colección de yuca a través de marcadores moleculares, quienes consideran que un buen coeficiente de correlación confenética tiene valores comprendidos entre 0.8 y 0.9.

Dos genotipos son idénticos cuando su distancia entre ellos es igual a 0. En este caso no se observó, aparentemente, duplicados ya que todos los genotipos están en mayor o menor grado de distancias unas de otras. Sin embargo existen genotipos que son muy similares, por ejemplo GEN9, GEN10 con GEN8, cuya distancia es muy pequeña (0.8), siendo así los más similares entre sí y distantes del resto.

De acuerdo a los niveles de similitud, se observó similitudes en los subgrupos (Figura 9), siendo los siguientes:

En el primer grupo se identifican 12 genotipos, donde los GEN15 y GEN16 mostraron ser diferente del resto y el segundo grupo, se identificó que el genotipo GEN4 mostro ser diferente al resto de los genotipos.

Los resultados en este estudio mostraron similitudes de Jaccard desde 0.5 a 2.8 el cual supera los encontrados en el estudio realizado por Siqueira *et al.* (2009) quienes evaluaron 49 variedades de yuca en Brasil y mostraron una alta variabilidad genética para las especies autóctonas con un rango de similitud entre 0.19 - 0.83

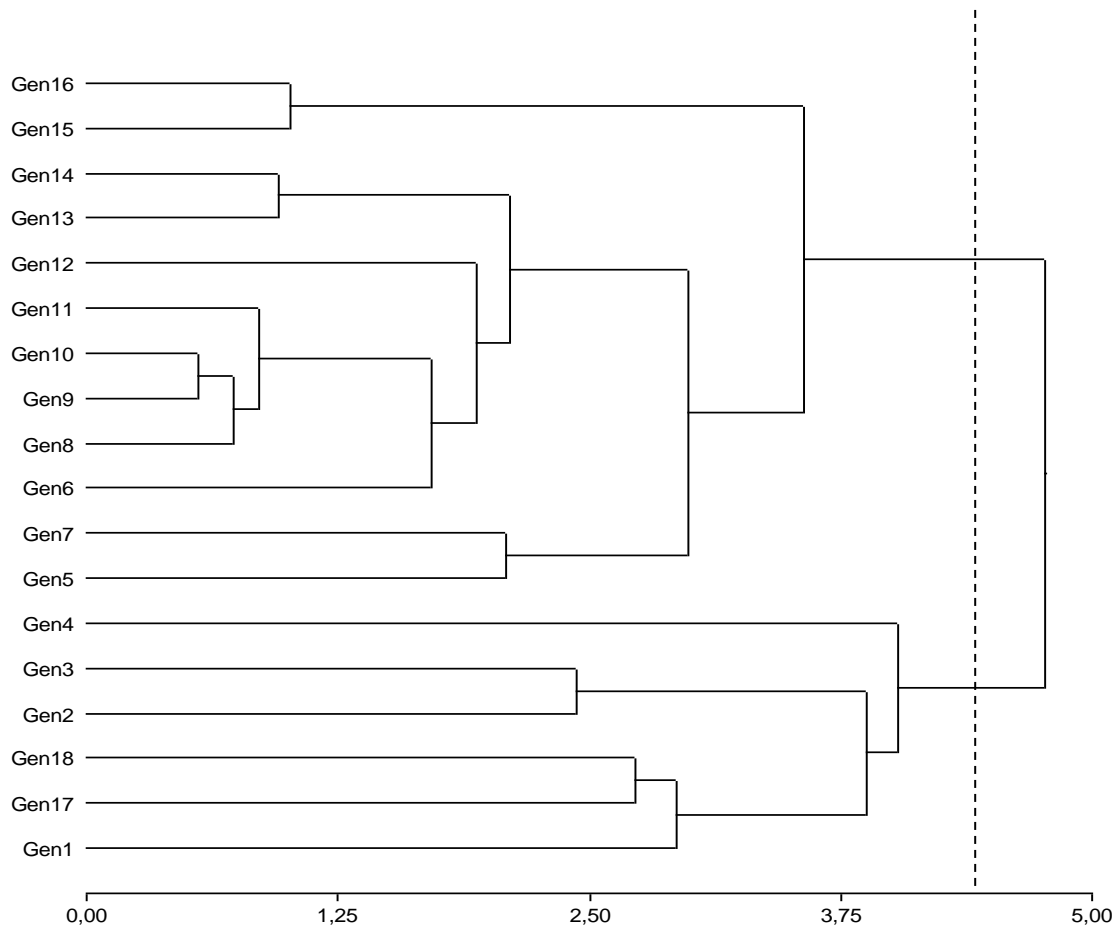


Figura 9. Dendrograma obtenido con el coeficiente de Jaccard, para la caracterización molecular de 18 genotipos de yuca colectados en la RACCS, Nicaragua 2015-2016.

4.3.4. Análisis de conglomerados conjunto de variables morfológicas, organolépticas y moleculares

El análisis de conglomerados para las variables en su conjunto; se observó la formación de tres grupos. El primer grupo lo formaron los genotipos GEN17 y GEN18, los cuales mostraron ser similares en altura de planta a los primeros cuatro meses de crecimiento, peso de la parte aérea de la planta, número de raíces por planta, color crema de raíces cocidas y textura firme en cuanto a los parámetros morfológicos. El segundo grupo está formado por los genotipos GEN2 y GEN3, estos genotipos fueron similares de acuerdo a la altura de planta al momento de la cosecha, peso total de la parte terrestre de la planta y longitud media de la raíz morfológicamente (Figura 10).

El tercer grupo lo compone un sistema constituido por 14 genotipos; GEN1, GEN4, GEN5, GEN6, GEN7, GEN8, GEN9, GEN10, GEN11, GEN12, GEN13, GEN14, GEN15 y GEN16, dentro de este grupo se forman 3 sub grupos, en el primer sub grupo está el GEN11 y GEN5 asociados a longitud de lóbulo central de la hoja y diámetro medio de la raíz (cuadro 3 y 6), el segundo sub grupo está formado por GEN10, GEN13, GEN15 y GEN16, finalmente el tercer sub grupo lo constituyen los genotipos GEN1, GEN4, GEN6, GEN7, GEN8, GEN9, GEN12 y GEN14.

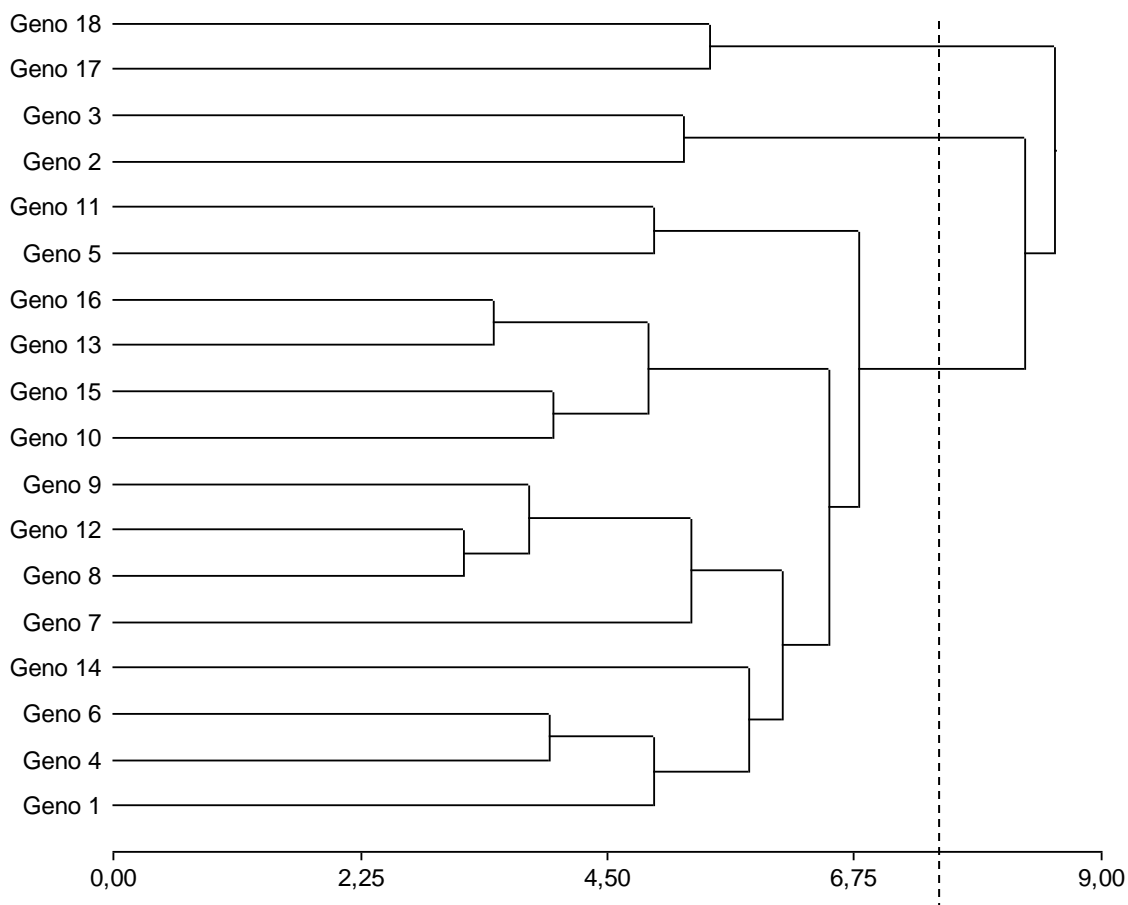


Figura 10. Dendrograma obtenido con el coeficiente de Jaccard, con datos provenientes de variables morfológicas, organolépticas y moleculares de 18 genotipos colectados en la RACCS, Nicaragua 2015-2016.

V. CONCLUSIONES

Los genotipos GEN1 y GEN12 presentaron diferencias estadísticas en cuanto al diámetro, peso de raíces por plantas y peso total de la planta, lo que los convierten en genotipos de mucha importancia para la producción de este rubro en el Caribe Sur.

En general para los caracteres cualitativos, los genotipos GEN1, GEN12, GEN13 y GEN17 respondieron con altos valores a la mayoría de estos caracteres, además que los análisis en general los agruparon bastante similares.

Los genotipos GEN5, GEN10, GEN12 y GEN13 se asociaron en relación a componentes organolépticos; sabor y contenido de carbohidratos y los genotipos GEN17 y GEN18 en cuanto a proteínas y textura de la raíz cocida, por lo que ambos grupos son una opción para la seguridad alimentaria y nutricional.

Los marcadores SSRY-100 y GA-126, fueron los más polimórficos en la caracterización de los genotipos. Y en base al total de marcadores se formaron dos grupos, de seis y doce genotipos.

En relación a los tres grandes componentes evaluados; morfológicos, organolépticos y moleculares, los genotipos GEN1, GEN2, GEN3, GEN17, GEN18 presentaron los valores más próximos, por lo tanto, los hacen ser los más similares de todos los genotipos evaluados.

VI. RECOMENDACIONES

Utilizar los genotipos GEN1, GEN2, GEN3 GEN12, GEN17 y GEN18 en programas de mejoramiento por presentar las mejores características morfológicas organolépticas y moleculares.

Utilizar los marcadores moleculares SSRY-100 y GA-126, para futuras investigaciones de diversidad genética por su buen comportamiento para la identificación de alelos y frecuencias alélicas.

Los genotipos GEN17 y GEN18 por sus características culinarias los convierten en genotipos de mucha importancia para la producción y alimentación de este rubro en el Caribe Sur del país.

VII. LITERATURA CITADA

- Arguello, 2012. Caracterización molecular de 52 accesiones de yuca (*Manihot esculenta* Crantz) usando nueve marcadores tipo SSR, CNIAB-INTA. Nicaragua.
- Beovides, Y.; Fregene, M.; Alves, A.; Gutiérrez, J.; Buitrago, Ch.; Marín, A.J.; Milán, M.D.; Rodríguez, J. A.; Guerra, D.; Toledo, H.; Roca, O.; Albert, J.; García, J.; Oliva, M.; 2006. Análisis de diversidad genética mediante microsatélites (SSR) en cultivares del germoplasma cubano de yuca. *Biotecnología Vegetal* Vol.6, N°. 1:9-14.
- Casalla, R. 2003. Medición de la distancia genética en grupos de camarón blanco *Liptopenaeus vannamei* en la costa ecuatoriana. Tesis. Msc. Escuela Superior Politécnica del litoral, facultad de ingeniería marítima y ciencias del mar. Guayaquil. EC. 83 p.
- Ceballos, H.; De la Cruz, G. 2003. La yuca en el tercer milenio: Sistemas modernos de producción, procesamiento. (En Línea). Cali Colombia. Publicación CIAT; no. 327. Consultado 04 marzo, 2018. Disponible en <http://www.clayuca.org/>.
- Ceballos, H. 2000. La yuca en Colombia y el mundo: Nuevas Perspectivas para un cultivo milenario. (En línea). Cali Colombia. Publicación CIAT; no. 327. Consultado 11 marzo, 2018. Disponible en <http://www.clayuca.org/>.
- Centro Internacional de Agricultura Tropical. 1987. Yuca: Investigación como producción y utilización. Programa de las Naciones Unidas Para el Desarrollo. Calí, Colombia.
- Centro Internacional de Agricultura Tropical. 1989. Yuca investigación, producción y utilización. Colombia.
- Chavarría-Aguirre P, Maya M M, Bonierbale, M W, Kresivich S, Fregene M A, Tohme J y Kochert G. 1998 Microsatellites in cassava (*Manihot esculenta* Crantz): Discovery, inheritance and variability. *Theor Appl Genet* 97:493-501.
- Chavarría Medina, E. 2003. Evaluación agronómica de siete variedades de yuca (*Manihot esculenta* Crantz) en las condiciones del municipio de Nueva Guinea/Nicaragua 2002 (tesis de pregrado). Universidad Nacional Agraria.

- Dávila Laguna M y Sandoval Molina, J 2006. Evaluación de dieciocho genotipos de yuca (*Manihot esculenta* Crants) en el municipio de Posoltega, Chinandega (Tesis de grado). Universidad Nacional Agraria.
- Debout, D. 1996. Exploración de germoplasma de yuca silvestre en Guatemala. En lecturas en recursos filogenéticos. Instituto de investigaciones agronómicas. Universidad de San Carlos de Guatemala, Guatemala. P. 29-33.
- Di Betteti, M.S. 2000. The distribution of grooming among female primates: testing hypotheses with Shannon-Wiener diversity index. Behaviour 137 (11): 1517-1540.
- Domínguez, C. 1979. Yuca: Investigación, producción y utilización. CIAT. Calí, Colombia, p. 167-207.
- Duarte Centeno, N y Figueroa Martínez, M. 2008. Efecto de diferentes sistemas de preparación del suelo sobre las características físicas, crecimiento y rendimiento del cultivo de la yuca (*Manihot esculenta* Crantz) variedad algodón en Nueva Guinea. Tesis de grado. Universidad Nacional Agraria. Recuperado de <file:///I:/tnf07d812.pdf>
- FAO (Organización de las Naciones Unidas para la Alimentación y la Agricultura. (2010). Perspectivas alimentarias, análisis de los mercados mundiales.
- García L. R. y C. Baldioceda, 2003. Efecto de seis densidades de siembra sobre el rendimiento de raíces tuberosas de yuca (*Manihot esculenta* Crantz) variedad Valencia. Managua, Nicaragua 2002. Tesis de Ing. Agr. Universidad Nacional Agraria. Managua, Nicaragua 30p.
- INIDE (Instituto Nacional de Información de desarrollo) y MAGFOR (Ministerio Agropecuario y Forestal) 2012. IV Censo Nacional Agropecuario.
- INTA. 2004. Cultivo de la yuca (Guía MIP), Manejo integrado de plagas. PASA-DANIDA. 48 p.
- INTA. 2010. INTA desarrolla nuevas variedades de semilla de yuca, (en línea). Consultado 24 febrero 2018.
- International Plant Genetic Resources Institute IPGRI. 2000. Frutales del trópico americano, de la información a la investigación. Boletín de las américas. Calí, Colombia. V. 6, No.1. p. 4-8.

- Jiménez OR (2009) Genetic purity of the common bean (*Phaseolus vulgaris* L. cv. 'INTA ROJO') during seed production in Nicaragua Master's Thesis, University of Helsinki, Finland.
- Lewin B. 2004. Chromosomes consist of nucleosome. *Genes* (8), 747-844.
- Lozano, J. 1977. Production of cassava planting material. Calí, Colombia 28p.
- MAGFOR (Ministerio de agropecuario y forestal) 2011. Informe de producción agropecuaria.
- Marini D, Vega I. 1993. Genética agraria. CENIDA-UNA, Universidad Nacional Agraria. Managua, Nicaragua. 346 p.
- Morrillo, A. 2009. Mapeo de regiones del genoma asociados con el contenido de β -caroteno en yuca. (*Manihot esculenta* Crantz). Tesis. Dr. Universidad Nacional de Colombia, Facultad de Ciencias Agrarias. Palmira, CO. 254 p.
- Montaldo, A. 1983. Cultivo de raíces y tubérculos tropicales. San José, Costa Rica.
- Nei, M. 1973. Analysis of gene diversity in subdivided populations. *Proc natl acad scin USA* 70:3321-3323.
- Nei, M. 1978. Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals. *Genetic* 83:583-590.
- Peakall, R., Smouse, P.E. 2006. Genalex 6: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research. *Molecular Ecology Notes* 6 288-259.
- Pejic I., Y Ajmone P. Morgante M. Kozumplick V. Castiglioni P. Taramino G. Motto M., (1998). Comparative analysis of genetic similarity among inbred maize lines detected by RFLPs, RAPDs, SSRs and AFLPs. *Theor Appl Genet* (97), 1248-1255.
- Ravindran, V. 1991. Preparation of cassava leaf products and their use in animal feeding. In: roots , tubers, plantains and bananas in animal feeding.
- Rodriguez F., P. Ponce y A. Fuchs. 1981. Genética y mejoramiento de las plantas. Editorial Pueblo y Educación. La Habana, Cuba. 442 p.
- Sequeira, M.; Jurema, R.; Queiroz, E.; Borges, B.; Kayo, J.; y Pereira, J. 2009. Genetic characterization of cassava (*Manihot esculenta* Krantz) landraces in Brazil assessed with simple sequence repeats.

- Sunnucks, P. 2001. The Impact of the habitat fragmentation on dispersal of cunningham's skink (*Egernia Cunnighami* evidence from allelic and genotypic analyses of microsatellites. *Molecular ecology*. (4), 867-878.
- Tasaka M, Kato T, Fukaki H. 1999. The endodermis and shoot gravitropism. *Trends in plant sciences*. 4: 103-107.
- Weir, B.; Cockerham, C. 1984. Estimating F-statistics for the analysis of population structure. *Evolution* 38:1358-1370.
- Yeh, F.C. y T.J.B. Boyle 1997. POGENE V.3.2. Population genetic analysis of codominant and dominant markers and quantitative traits. *Belgian Journal of Botany* 129: 157.
- Zaldivar, M.; Rocha, O. 2006. Diversidad genética y variación en la viabilidad de plantas cultivadas en sistemas agrícolas. Proyecto de investigación de la escuela Agrícola de biología. CR. 23 pág.

VIII. ANEXOS

Anexo 1. Glosario morfológico organoléptico y molecular de 18 genotipos de yuca colectados en RACCS, Nicaragua 2015-2016.

Ácido ascórbico: más conocido como vitamina C, es una sustancia única, de extrema importancia y necesidad para el cuerpo del ser humano ya que con ella se hace frente a múltiples problemas biológicos que se oponen a su supervivencia.

ADN (Ácido Desoxirribonucleico): Base molecular de la herencia. Una molécula de ADN es un polímero de desoxinucleotidos ordenados en una doble hélice (dos hebras) de azúcares fosfatados con bases purinas y pirimidinas proyectados al centro. Cada hebra se mantiene unida por enlaces fosfodiéster entre los carbonos 3' y 5' de nucleótidos adyacentes.

ADN Genómico: ADN que influye todas las secuencias de nucleótidos contenida en el genoma de un individuo. Término utilizado para referirse al ADN extraído mediante el uso de solventes (fenol) y detergentes (CTAB).

Agarosa: Polisacárido formado por galactosa alfa y beta que se extraen de las algas de los géneros *Gellidium* y *Gracillara*. La agarosa es un producto natural que forma una matriz inerte y no tóxica que supone una herramienta indispensable en gran cantidad de técnicas de biología molecular, bioquímica y biología celular. Su uso más extendido es para construir geles que permitan separar moléculas de ADN mediante electroforesis.

Alelo: Cada una de las formas posibles de un gen.

Alelos efectivos: Número de alelos igualmente frecuentes en un grupo.

Alineamiento de iniciadores: Etapa de la PCR inmediatamente después de la desnaturalización, en la cual se baja la temperatura para permitir que los dos iniciadores se unan a las frecuencias flanqueantes del ADN por amplificar en cada una de las hebras.

Amplificación: Creación de numerosas copias de un segmento de ADN mediante PCR. Multiplicación repetida de una secuencia concreta de ADN.

Bromuro de etidio: Análogo de base que se intercala en forma irreversible entre las bases de las moléculas de ADN. Cuando se le excita con la luz ultravioleta emite fluorescencia de

color naranja. Es utilizado para teñir ADN en geles por su fluorescencia cuando se le expone a la luz ultravioleta.

Calcio: participa en la coagulación, en la correcta permeabilidad de las membranas y a su vez adquiere fundamental importancia como regulador nervioso y neuromuscular, modulando la contracción muscular (incluida la frecuencia cardíaca), la absorción y secreción intestinal y la liberación de hormonas.

Calorías: se utiliza para medir el contenido energético de los alimentos (yuca) que los seres humanos ingerimos cotidianamente.

Cebador: Fragmentos cortos de ADN, monohebra de 10-20 bases, de secuencia aleatoria o arbitraria. Los cebadores se hibridan en aquellos sitios donde encuentran secuencias complementarias en el ADN usado como molde.

Cenizas: es una medida del total de minerales presentes en un alimento

Centrifugar: Separación de las moléculas por tamaño o densidad mediante fuerzas centrifugas por el giro de un rotor.

Contenido de proteína: su valor nutricional radica en el aporte de hidratos de carbono de la raíz, aunque comparativamente tenga un bajo contenido en vitaminas y minerales, no hay que obviar que para determinadas poblaciones rurales la yuca es fuente principal de algunos minerales como el potasio y el calcio, además de vitaminas como: vitamina C, B1, B2 y B5; y es buena fuente de energía.

Clon: Grupo de células o de organismos genéticamente idénticos a partir de una misma célula u organismo por reproducción asexual. Grupo de plantas genéticamente idénticas obtenidas todas ellas por propagación vegetativa de un individuo seleccionado.

Cromosoma: En las células eucariotas son los cuerpos nucleares que contienen la mayoría de los genes responsables en gran parte de la diferenciación y actividad celular.

Desnaturalización del ADN: Separación de las dos hebras que constituyen al ADN por rompimiento de los enlaces de hidrogeno entre bases complementarias. El ADN se desnaturaliza a temperaturas superiores a 90°C. (Primera etapa de la PCR)

dNTPs (desoxinucleotidos): Nucleotidos cuya pentosa es una desoxirribosa y por ende son los monómeros del ácido desoxirribonucleico.

Extención del ADN: Tercera etapa de la PCR. La temperatura se eleva a 72°C para permitir que una ADN *polimerasa* inicie la síntesis a partir del iniciador agregando *dNTPs* libres sobre la hebra que sirve de templado.

Fibra: es un nutriente muy importante para el buen funcionamiento del cuerpo. La falta de fibra conlleva la aparición de varias patologías.

Frecuencia alélica: Proporción que se observa de un alelo específico respecto al conjunto de los que pueden ocupar un locus determinado en la población.

Gen: Unidad hereditaria que contiene información genética (ADN) que es transcrita a *ARN* y traducida a una cadena polipeptídica (proteína). En el genoma de un organismo, una secuencia de nucleótidos a la que se le puede asignar una función específica.

Genoma: Término utilizado para referirse a todos los genes (información genética) contenida en un solo gameto, es decir un representativo de cada cromosoma.

Genotipo: Constitución genética de un organismo, que estará dada por la información heredada por ambos padres. Específicamente para un solo locus, el genotipo estará dado por los alelos heredados por ambos padres.

Grasas: son compuestos orgánicos formados por carbono, oxígeno e hidrógeno, insolubles en agua y solubles en líquidos orgánicos. Las grasas más importantes desde el punto de vista nutricional son los triglicéridos, fosfolípidos y el colesterol, los cuales aportarán el 30% del valor energético total.

Glúcidos: proveen al organismo de la energía necesaria para su correcto funcionamiento.

Heterocigoto: Individuos con alelos no idénticos para un determinado gen o genes. La condición se denomina heterocigosis.

Heterocigosidad: Frecuencia medida de individuos heterocigóticos para un locus o en promedio para varios locis. Es un estimador de la variabilidad genética en poblaciones naturales o domesticadas.

Hierro: este micro mineral u oligoelemento, interviene en la formación de la hemoglobina y de los glóbulos rojos, como así también en la actividad enzimática del organismo.

Humedad: puede ser el análisis más importante llevado a cabo en un producto alimentario y, sin embargo, puede ser el análisis del que es más difícil obtener resultados exactos y precisos.

Iniciador (del Inglés primer): Oligonucleótido (Alrededor de 20pb) de una sola hebra que se alinea (homologa) para iniciar la replicación del ADN mediante una polimerasa. Se requieren dos iniciadores (uno para cada hebra de ADN), los cuales flanquearan la región por amplificar.

Microsatélite: Pequeña secuencia entre dos y ocho nucleótidos que se repiten en tandem al azar o a lo largo de todo el genoma, en donde el número de repeticiones revela diferencias genéticas entre los individuos. Estos pueden ser dinucleótidos, trinucleótidos y tetranucleótidos.

Monomorfismo: En un grupo ausencia de variación en un marcador, gen, cromosoma o carácter determinado genéticamente.

Marcador Molecular: Genes, proteínas o fragmentos de ADN polimórficos que permiten distinguir entre individuos, familias, grupos o especies.

Monómero: Molécula pequeña (aminoácidos, nucleótidos) que pueden combinarse con otras idénticas o similares para formar una molécula más grande y compleja llamada polimerasa.

Niacina: este tipo de vitaminas intervienen en el metabolismo de los hidratos de carbono, grasas y proteínas.

Nucleótido: Nucleótido (Base (purina o pirimidina) unidad de forma covalente a un azúcar pentosa con uno o más grupos fosfatos unidos al hidroxilo 3' o 5' de una pentosa).

Número de alelos: Estimador de la variabilidad genética en grupos, se determina para cada muestra poblacional.

Población: Individuos de la misma especie que habitan en una determinada área geográfica y que por ende se entrecruzan y comparten un acervo común de genes.

Polimorfismo: Variación alélica en un locus.

Polimerasa: Enzima que cataliza la formación de polímeros a partir de un monómero. Un ADN polimerasa sintetiza ADN a partir de desoxinucleótidos trifosfato utilizando una hebra complementaria de ADN y cebador.

Polimerasa Taq: ADN polimerasa termo estable aislada en la bacteria termofílica *Thermus aquaticus*, muy utilizada en PCR.

PCR (del inglés polymerase Chain Reaction) Reacción en la cadena de la polimerasa: Técnica con la que se copian las hebras complementarias de una molécula de ADN blanco simultáneamente a través de una serie de ciclos, que incluyen una desnaturalización del ADN, alineamiento de iniciadores y extensión (Síntesis) mediante una polimerasa (comúnmente *Taq polimerasa*).

Proteínas: están entre los compuestos alimenticios más importantes ya que son las responsables de proveer al organismo las energías que este utilizará cuando realice cualquier tipo de actividad.

Riboflavina: es una vitamina hidrosoluble conocida también como B2. Entre otras cosas es importante porque es fundamental para la respiración celular a través de las enzimas, pero también para la síntesis de los ácidos grasos y la transformación en energía.

Secuenciación: Establecimiento del orden de las bases nucleotídicas (Secuencia) de 5' a 3' en un fragmento de ADN de interés.

Tiamina: participa en funciones fundamentales del organismo, como la asimilación de la azúcar, que es la principal fuente de energía para el sistema nervioso y la producción de glóbulos rojos, participa en la formación la acetilcolina, que es un neurotransmisor que estimula las contracciones en las fibras musculares.

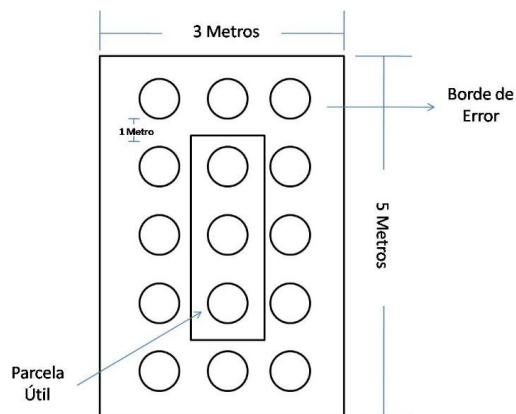
Anexo 2. Abreviaturas utilizadas en el texto del documento.

Siglas	Significado
ADN	Ácido desoxirribonucleico
AMOVA	Análisis Molecular de Varianza
CIAT	Centro Internacional de Agricultura Tropical
CNIAB	Centro Nacional de Investigación Agropecuaria y Biotecnología
CTAB	Hexadecyl trimethyl ammonium bromide
CIA	Cloroformo Isomylalcohol
dATP	Desoxi Adenosin Trifosfato
dGTP	Desoxi Guanosin Trifosfato
dCTP	Desoxi Citodine Trifosfato
dTTP	Desoxi Triamidin Trifosfato
EDTA	Ethylene diaminete tracetio Ácido de Sodium Salt
G	Gramo (s)
ISSR	Repetición de Secuencia Intergénicas Simple
M	Mol (ar)
mM	Micro mol
ml	Mililitro
Mq Water	Agua Calidad PCR
PCA	Análisis de Componentes Principales
PCR	Reacción en Cadena de la Polimerasa
PIC	Contenido de Información Polimórfica
PVP	Poli vinyl Pirrolidone
RFLP	Polimorfismo de Longitud de Fragmentos de Restricción
RAPD	DNA Polimórfico Amplificado al Azar
Rpm	Revoluciones por Minuto
SSR	Secuencia Simple de Repeticiones
TRIS	Hydraxymethyl Amimo methenl Hydrochloride
TBE	Tris Ácido Bórico EDTA
µl	Microlitro

Anexo 3. Guía de descriptores cualitativos del cultivo de yuca (*Manihot esculenta*). CIAT.

No	Características	Descripción	
1	Color de la hoja apical (CHA)	3= Verde claro 5= Verde oscuro	7= Verde púrpura 9= Púrpura
2	Color del peciolo (CP)	1= Verde amarillento 2= Verde 3= Verde con rojo	4= Verde morado 5=Rojo púrpura
3	Color de epidermis del tallo (CET)	1= Crema 2= Marrón claro	3= Marrón oscuro 4= Naranja
4	Habito de crecimiento del tallo (HCT)	1= Erecto 2= Zigzag	
5	Color de las ramas terminales de la planta adulta (CRTPA)	3= Verde 5= Verde púrpura	7= Púrpura
6	Habito de ramificación (HR)	1= Erecto 2= Dicotómico	3= Tricotómico 4= Tetracotómico
7	Tipo de planta (TP)	1= Compacta 2= Abierta	3= Paraguas 4= Cilíndrica
8	Retención de hojas a la cosecha (RHC)	1= Buena 2= Regular	3= Poca
9	Color de la corteza de la raíz (CCR)	1= Blanco o crema 2= Amarillo	3= Rosado 4= Púrpura
10	Forma de la raíz (FR)	1= Cónica 2= Cónica- cilíndrica	3= Cilíndrica 4= Irregular
11	Posición de la raíz (PR)	1= Tendencia vertical 2= Tendencia horizontal	
12	Deterioro pos-cosecha (DPC)	1= Sin deterioro 2= Menos de 5% de las raíces deterioradas	3= Del 6 al 10% de las raíces deterioradas 4= Del 11 al 20% de las raíces deterioradas

Anexo 4. Parcela experimental (repetida 4 veces por cada genotipo).



Anexo 5. Auto valores de caracteres cuantitativos de los 18 genotipos de yuca, Caribe Sur, Nicaragua, 2015–2016.

Lambda	Valor	Proporción	Prop Acum
1	7.32	0.41	0.41
2	3.10	0.17	0.58
3	2.66	0.15	0.73
4	1.59	0.09	0.81
5	1.00	0.06	0.87
6	0.79	0.04	0.91
7	0.53	0.03	0.94
8	0.45	0.02	0.96
9	0.31	0.02	0.98
10	0.18	0.01	0.99
11	0.10	0.01	1.00
12	0.04	2.0E-03	1.00
13	0.02	1.2E-03	1.00
14	0.01	3.6E-04	1.00
15	0.01	3.0E-04	1.00
16	1.1E-03	6.0E-05	1.00
17	3.5E-04	2.0E-05	1.00
18	0.00	0.00	1.00

Anexo 6. Auto valores de variables organolépticas de los 18 genotipos de yuca, Caribe Sur, Nicaragua, 2015–2016.

<u>Lambda</u>	<u>Valor</u>	<u>Proporción</u>	<u>Prop Acum</u>
1	3.40	0.38	0.38
2	1.82	0.20	0.58
3	1.21	0.13	0.71
4	0.98	0.11	0.82
5	0.77	0.09	0.91
6	0.52	0.06	0.97
7	0.20	0.02	0.99
8	0.09	0.01	1.00
9	0.01	7.4E-04	1.00

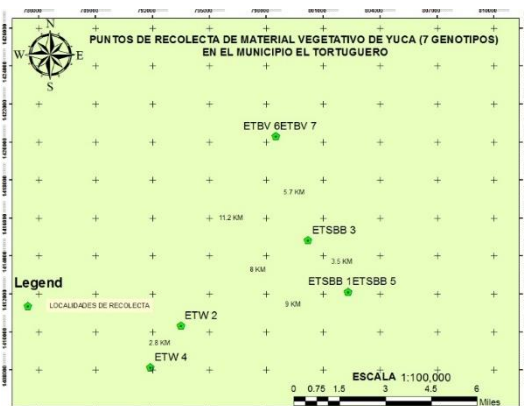
Autovectores

<u>Variables</u>	<u>e1</u>	<u>e2</u>
ColFru	-0.30	0.27
Sabor	-0.07	0.53
Prote	-0.47	-0.08
TexFru	0.16	0.39
CHidr	0.49	0.22
Grasa	-0.11	-0.30
FBrut	-0.32	-0.38
Ceniza	-0.41	0.30
MSeca	-0.38	0.34

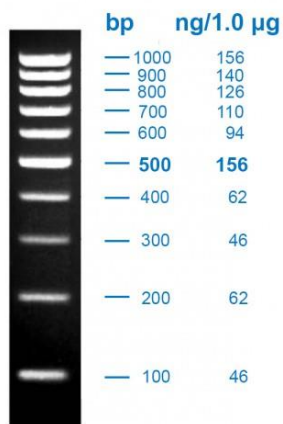
Anexo 7. Resultados de análisis en laboratorio en suelo, bromatológico y altura sobre el nivel del mar de los genotipos colectados en la costa caribe sur de Nicaragua en el periodo 2015–2016.

GEN	Tipo de Suelo	Dulsor	Arcilla	Limo	Arena	PH	MO	N	P	K	Ca	Mg	Fe	Cu	Zn	Mn	MSeca	Ceniza	Proteína	Grasa	Fibra Bruta	CarbHi	msnm
1	Arcilla	Dulce	43.6	30	26.4	5.14	3.13	0.16	1.55	0.53	4.19	1.63	47.85	1.9	29	170.4	91.04	1.43	0.67	0.7	6.83	90.37	58
2	Franco Arcilloso	Dulce	39.6	28	32.4	4.92	2.98	0.15	4.06	0.8	2.93	1.28	34.45	4	11	125.3	90.9	1.9	0.5	0.62	6.29	90.7	45
3	Franco Arcilloso	Dulce	39.6	28	32.4	4.92	2.98	0.15	4.06	0.8	2.93	1.28	34.45	4	11	125.3	90.87	2.32	1	0.12	3.5	93.06	58
4	Franco Arcilloso	Amarga	39.6	28	32.4	4.92	2.98	0.15	4.06	0.8	2.93	1.28	34.45	4	11	125.3	90.45	1.72	0.8	0.17	9.35	87.96	42
5	Arcilla	Simple	43.6	30	26.4	5.14	3.13	0.16	1.55	0.53	4.19	1.63	47.85	1.9	29	170.4	91.62	2.24	0.64	0.91	3.4	92.81	63
6	Franco Arcilloso	Dulce	37.6	36	26.4	5.2	4.69	0.23	5.04	0.24	5.15	1.91	219.3	5.5	27	302	91.39	2.17	1.01	0.41	6.02	90.39	24
7	Franco Arcilloso	Simple	37.6	36	26.4	5.2	4.69	0.23	5.04	0.24	5.15	1.91	219.3	5.5	27	302	90.52	2.18	0.52	0.06	1.97	95.27	24
8	Arcilla	Simple	55.6	22	22.4	4.8	3.31	0.17	1.91	0.08	0.67	0.36	14.15	9.2	4.3	79	92.19	1.98	0.76	1.14	8.73	87.39	48
9	Arcilla	Dulce	55.6	22	22.4	4.8	3.31	0.17	1.91	0.08	0.67	0.36	14.15	9.2	4.3	79	94.7	5.65	0.62	1.14	0.72	91.87	48
10	Arcilla	Dulce	55.6	22	22.4	4.8	3.31	0.17	1.91	0.08	0.67	0.36	14.15	9.2	4.3	79	90.72	2.47	0.59	0.12	2.81	94.01	56
11	Arcilla	Amarga	59.6	26	14.4	4.2	3.78	0.19	3.82	0.07	0.12	0.19	19.55	6	3.1	39.5	91.13	1.75	0.58	0.09	7.5	90.08	60
12	Arcilla	Dulce	71.6	18	10.4	5.01	3.21	0.16	4	0.3	1.29	0.49	128.8	5.6	4.4	93.8	91.13	1.8	0.62	0.24	7.19	90.15	67
13	Franco Arcilloso	Dulce	29.6	14	56.4	3.95	2.09	0.1	2.32	0.09	0.61	0.36	352.3	0.8	1.4	10.1	91.82	2.45	0.71	0.21	1.89	94.52	64
14	Arcilla	Simple	25.6	38	42.4	4.7	2.04	0.1	1.5	0.12	0.62	0.2	421.5	0.4	5	12	79.9	1.42	0.59	1.9	2.11	94.2	80
15	Arcilla	Dulce	43.6	34	22.4	4.38	2.86	0.14	3.7	0.06	0.27	0.2	43.15	3.8	1.3	12.5	88.7	1.46	0.83	0.44	5.63	91.64	39
16	Arcilla	Simple	55.6	28	16.4	4.88	2.92	0.15	1.85	0.13	1.33	0.47	36.62	11	7.4	61.3	95.82	5.17	0.31	0.11	5.42	93	55
17	Arcilla	Amarga	43.6	34	22.4	4.38	2.86	0.14	3.7	0.06	0.27	0.2	43.15	3.8	1.3	12.5	95.61	5.03	1.55	1.44	9.73	82.25	25
18	Arcilla	Amarga	43.6	34	22.4	4.38	2.86	0.14	3.7	0.06	0.27	0.2	43.15	3.8	1.3	12.5	96.66	7.07	2.19	0.73	7.68	82.33	28

Anexo 8. Lugares de colecta de los 18 genotipos de yuca, Caribe Sur, Nicaragua, 2015–2016.

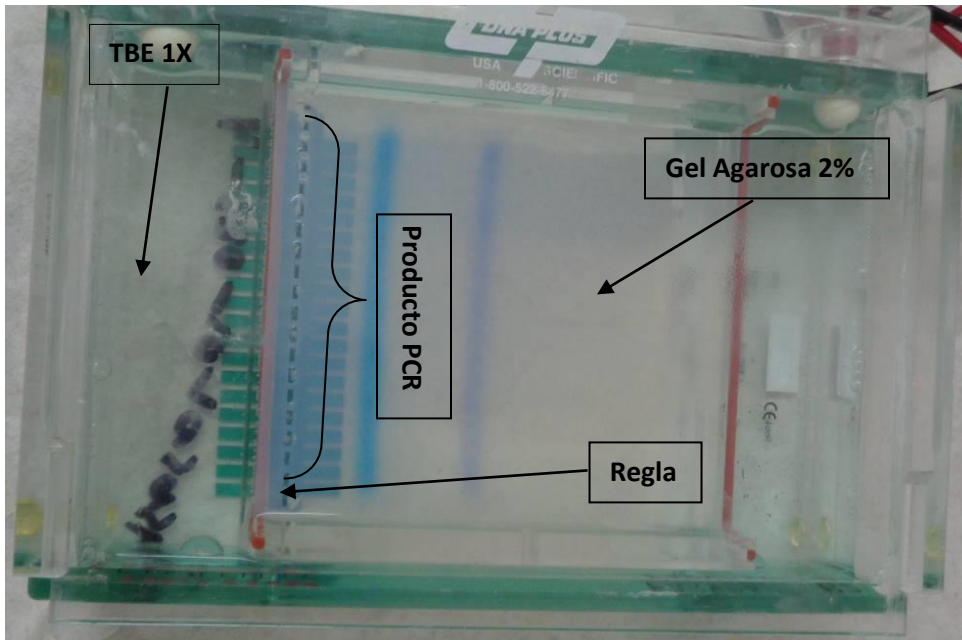


Anexo 9. Regla de ADN de 100 a 1000 pares de bases (Pb), utilizada para el componente molecular.

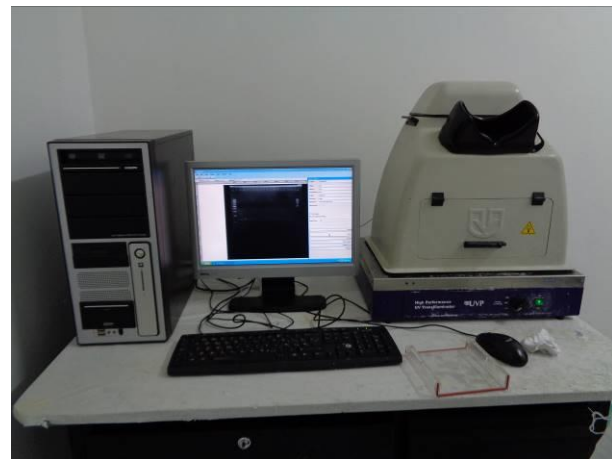


2% agarose,
1x TAE
5 µl/lane

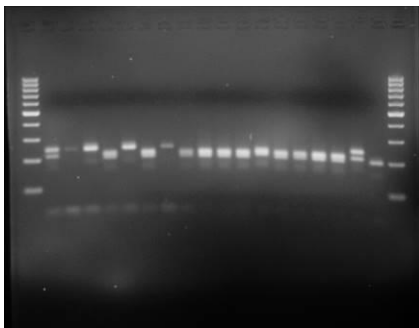
bp	ng/1.0 µg
— 1000	156
— 900	140
— 800	126
— 700	110
— 600	94
— 500	156
— 400	62
— 300	46
— 200	62
— 100	46



a. Cámara electroforesis



b. UPV tras luminador Launch Doc-ITL



c. Visualización del desplazamiento de bandas de

ADN

Anexo 10. Uso de la Cámara electroforesis (a) y el UPV tras luminador Launch Doc-ITL (b) para visualizar el desplazamiento de las bandas de ADN (c).

Anexo 11. Gradiente de temperatura para el anillamiento.

Para la selección de temperaturas óptimas durante el anillamiento se procedió a realizar PCR de pruebas entre temperaturas de soporte de cada iniciador definidas en su presentación o frasco en el que se encuentra, en la cual se seleccionaron las temperaturas que identificara la mejor intensidad de banda para correr las PCR definitivas.

Temperaturas	Marcador
1. 35.3°C	
2. 36.2°C	
3. 37.6°C	
4. 39.3°C*	SSRY-100
5. 51.1°C*	GA-5, GA-131,
6. 52.2°C*	GA-12, GA-21, GA-126, GA-134
7. 56.2°C*	SSR-242
8. 58.3°C	
9. 60.2°C	
10. 62.0°C	
11. 63.5°C	
12. 64.6°C	

*Temperaturas seleccionadas para correr PCR

Anexo 12. Cantidad de alelos encontrados por cebadores tipo SSR polimórficos utilizados en los 18 genotipos.

Allele/n	Prim1	Prim2	Prim3	Prim4	Prim5	Prim6	Prim7	Prim8
N		4	4	4	4	4	4	4
A	A	A	A	A	A	A	A	A
B	B	B	B	B	B	B	B	B
C	C	C	C	C	C	C	C	C
D	D	D	D	D	D	D	D	D
E	E	E	E	E	E	E	E	E
F	F	F	F	F	F	F	F	F
G	G	G	G	G	G	G	G	G
H		H	H	H	H	H	H	H
I			I	I	I	I		I
J				J	J			J
K				K	K			K
L				L				L
M				M				M
N				N				N
O				O				O

Anexo 13. Preparación de soluciones que se usaron en la extracción de ADN

a. Buffer CTAB

Reactivos	Cantidad
CTAB	2 g
ddH ₂ O	90 ml
1M, Tris	5 ml
5M, NaCL	1 ml
0.5M, EDTA	4 ml
Polivinyl Pirrolidone (PVP)	1 g

El volumen que se preparo fue de 100 ml. Todos los reactivos se disuelven y se rellenan de agua destilada hasta alcanzar un volumen de 100 ml. Llevar a autoclave.

b. Cloroformo Isopentyl alcohol CIA 24:1

Reactivos	Cantidad
Cloroformo	48 ml
Isomylalcohol	2 ml

Concentración para preparar 50 ml.

c. Tris 1 Molar

Reactivos	Cantidad
Hidroxymethyl Aminomethenl Hydrochloride H2O	78.8 g 300 ml

Agregar HCL para fijar el PH a 8, la aplicación es variable, el volumen hay que completarlo hasta llegar a los 500 ml.

d. Buffer EDTA 0.5 Mol.

Reactivos	Cantidad
Ethylenediamineltetracetic Ácido Dissodium Saltdiol H2O destilada	186.12 g 750 ml

La solución se debe rellenar con agua destilada hasta alcanzar el volumen de 1 litro. Llevar a autoclave.

e. Cloruro de Sodio 5 Mol

Reactivos	Cantidad
NaCL H2O destilada	146.1 g 350 ml

La solución se debe rellenar con agua destilada hasta alcanzar el volumen de 500 ml. Llevar a autoclave.

f. Acetato de Sodio 3 Mol.

Reactivos	Cantidad
Acetato de Sodio H2O destilada	204.12 g 350 ml

La solución se rellenó con agua destilada hasta alcanzar el volumen de 500 ml. Llevar a autoclave. Agregar de forma variable HCL hasta llegar al PH deseado de 5.2

g. Solución madre TBE 10X

Reactivos	Cantidad
EDTA Ácido Bórico Tris Base	9.3 g 55 g 108 g

Diluir en 1000 ml de agua esterilizada. Para llevar la solución al 1X, del Stock original mezclar 100 ml con 900 ml de agua esterilizada.

h. Buffer TE

Reactivos	Cantidad
Tris HCL	10 mM
EDTA	0.1 mM
RNASC	4 µl

Anexo 14. Procedimiento y dosis para preparar gel de agarosa metaphor PCR 2%.

Para la preparación de 100 ml al 2% se utilizaron los siguientes reactivos.

Reactivos	Cantidad
Agarosa Metaphor	2 g
TBE 0.5X	100 ml
Bromuro de Etidio	4 µl

Preparación: En un beker depositar 100 µl de TBE 0.5X y agregar 2 gramos de Agarosa Metaphor, dejar calentar por un periodo aproximado de 2 – 2.5 minutos en horno de microondas hasta lograr un color transparente de la mezcla sin presencia de grumos, dejar enfriar hasta lograr una temperatura aproximada de 38°C para aplicar 4 µl de bromuro de etidio se agita para homogeneizar la mezcla y se vierte en carcasas con capacidad de 100 ml, introducir una peineta de 20 espaciadores de 1 mm, dejar solidificar la mezcla durante 30 minutos. Este gel fue usado para correr ADN producto PCR.

Anexo 14. Procedimiento y dosis para preparar gel agarosa metaphor simple calidad ADN 8%. Para la preparación de 100 ml al 0.8% se utilizaron los siguientes reactivos.

Reactivos	Cantidad
Agarosa Metaphor	0.8 g
TBE 0.5X	100 ml
Bromuro de Etidio	4 µl

Preparación: En un beker depositar 100 µl de TBE 0.5X y agregar 0.8 gramos de Agarosa Metaphor, dejar calentar por un periodo aproximado de 2 – 2.5 minutos en horno de microondas hasta lograr un color transparente de la mezcla sin presencia de grumos, dejar enfriar hasta lograr una temperatura aproximada de 38°C para aplicar 4 µl de bromuro de etidio se agita para homogeneizar la mezcla y se vierte en carcasas con capacidad de 100 ml, introducir una peineta de 20 espaciadores de 1 mm, dejar solidificar la mezcla durante 30 minutos. Este gel fue usado para visualizar ADN.

Anexo 15. Protocolos optimizados para correr muestras de yuca en PCR.

Marcador SSRY-100

Programa PCR Gradiente 39.3°C	Solución Stock 25 µl x 72 muestras			Programa Electroforesis
	Productos	Cant. (µl)	Total (µl)	
95°C ----- 3 minutos	Master Mix	12.5	900	Gel Agarosa Metaphor 2% 120 minutos 90 voltios 330 amperios Teñir 6x (4µl x muestra) Ladder 100-1000 pb 4µl
95°C ----- 30 segundos	Forward	1	72	
49°C ----- 30 segundos	Reverse	1	72	
72°C ----- 1 minuto	Agua libre	9.5	680	
72°C ----- 10 minutos	ADN/muestra	1	72	
-4° c ----- Conservación				

Marcador GA-5 y GA-131

Programa PCR Gradiente 51.1°C	Solución Stock 25 µl x 72 muestras			Programa Electroforesis
	Productos	Cant. (µl)	Total (µl)	
95°C ----- 3 minutos	Master Mix	12.5	900	Gel Agarosa Metaphor 2% 120 minutos 90 voltios 330 amperios Teñir 6x (4µl x muestra) Ladder 100-1000 pb 4µl
95°C ----- 30 segundos	Forward	1	72	
49°C ----- 30 segundos	Reverse	1	72	
72°C ----- 1 minuto	Agua libre	9.5	680	
72°C ----- 10 minutos	ADN/muestra	1	72	
-4° c ----- Conservación				

Marcador GA-12, GA-21, GA-126 y GA-134

Programa PCR Gradiente 52.2°C	Solución Stock 25 µl x 72 muestras			Programa Electroforesis
	Productos	Cant. (µl)	Total (µl)	
95°C ----- 3 minutos	Master Mix	12.5	900	Gel Agarosa Metaphor 2% 120 minutos 90 voltios 330 amperios Teñir 6x (4µl x muestra) Ladder 100-1000 pb 4µl
95°C ----- 30 segundos	Forward	1	72	
49°C ----- 30 segundos	Reverse	1	72	
72°C ----- 1 minuto	Agua libre	9.5	680	
72°C ----- 10 minutos	ADN/muestra	1	72	
-4° c ----- Conservación				

Marcador SSR-242

Programa PCR Gradiente 56.2°C	Solución Stock 25 µl x 72 muestras			Programa Electroforesis
	Productos	Cant. (µl)	Total (µl)	
95°C ----- 3 minutos	Master Mix	12.5	900	Gel Agarosa Metaphor 2% 120 minutos 90 voltios 330 amperios Teñir 6x (4µl x muestra) Ladder 100-1000 pb 4µl
95°C ----- 30 segundos	Forward	1	72	
49°C ----- 30 segundos	Reverse	1	72	
72°C ----- 1 minuto	Agua libre	9.5	680	
72°C ----- 10 minutos	ADN/muestra	1	72	
-4° c ----- Conservación				