

UNIVERSIDAD NACIONAL AGRARIA

LA MOLINA

ESCUELA DE POSGRADO

DOCTORADO EN CIENCIAS E

INGENIERÍA BIOLÓGICAS



**"TRANSCRIPTOMA DE *Solanum goniocalix* PARA LA
IDENTIFICACIÓN DE GENES CANDIDATOS DE RESISTENCIA AL
TIZON TARDÍO"**

Presentada por:

GERMÁN FERNANDO DE LA CRUZ LAPA

TESIS PARA OPTAR EL GRADO DE DOCTOR

Doctoris Philosophiae

EN CIENCIAS E INGENIERÍA BIOLÓGICAS

LIMA – PERÚ

2020

**UNIVERSIDAD NACIONAL AGRARIA
LA MOLINA**

**ESCUELA DE POSGRADO
DOCTORADO EN CIENCIAS E INGENIERÍA
BIOLÓGICAS**

**"TRANSCRIPTOMA DE *Solanum goniocalix* PARA LA
IDENTIFICACIÓN DE GENES CANDIDATOS DE
RESISTENCIA AL TIZON TARDÍO"**

**TESIS PARA OPTAR EL GRADO DE DOCTOR
*Doctoris Phylosophiae***

Presentada por:

GERMÁN FERNANDO DE LA CRUZ LAPA

Sustentada y aprobada ante el siguiente Jurado:

Ph. D. Gretty K. Villena Chávez

PRESIDENTE

Dr. Raúl H. Blas Sevillano

ASESOR

Dr. William Roca Pizzini

MIEMBRO

Dra. Rosa A. Espejo Joya

MIEMBRO

Ph. D. Juan Daniel Montenegro Cabrera

MIEMBRO EXTERNO

DEDICATORIA

**A mi esposa, Yanet.
A mis hijos Germán, Brigitte y Jackeline.**

AGRADECIMIENTO

A la UPCH, en las personas de Gisella Orgeda, Ph.D. y Edgar Neyra, Ph.D.(c), quienes me acogieron como docente investigador invitado en el GRU (Genomic Research Unit) – LID.

Al CIP, en la persona del M.Sc. Wilmer Pérez, por su apoyo en la etapa experimental. Y en la persona del Dr. William Roca Pizzini, por su orientación y revisión exhaustiva del manuscrito.

A la UNALM, en la persona del Dr. Raúl Humberto Blas Sevillano como Asesor. A los docentes investigadores del Programa Doctoral en Ciencias e Ingeniería Biológicas – EPG, en la persona de la Doctora Gretty Katerine Villena Chávez, Ph.D, líder del PDCIB.

A la UNSCH, a la Escuela Profesional de Agronomía en las personas de la Doctora Nery Santillana, Ph.D., Ing. Guillermo Carrasco, Ing. Eduardo Robles, M.Sc. Raúl Caballa, Mg. Roberta Esquivel, por su apoyo solidario.

A la M.Sc. Lourdes Tapia Figueroa, del IBT-UNALM, a Juan Daniel Montenegro, Ph.D. del INIA, y a científicos, amigos del LID_GRU_UPCH que contribuyeron para el presente logro.

Eternamente Agradecido.

ÍNDICE GENERAL

I.	INTRODUCCIÓN	1
II.	REVISIÓN DE LITERATURA.....	4
2.1.	PAPA NATIVA CULTIVADA, CLASIFICACIÓN.....	4
2.2.	MARCADOR SSR Y DIVERSIDAD MOLECULAR DE PAPA.....	5
2.3.	<i>Phytophthora infestans</i> , RESISTENCIA GENÉTICA	8
2.4.	GENÓMICA DE LA PAPA.....	10
2.5.	EXPRESIÓN DIFERENCIAL DE GENES EN PAPA NATIVA.....	11
III.	MATERIALES Y MÉTODOS	13
3.1.	PARA EL ESTUDIO DE LA DIVERSIDAD GENÉTICA DE PAPAS NATIVAS	13
3.2.	PARA EL FENOTIPADO DE PAPAS NATIVAS A <i>Phytophthora infestans</i>	15
3.3.	PARA LA CUANTIFICACIÓN DE GENES DIFERENCIALMENTE EXPRESADOS	17
3.3.1.	EXTRACCIÓN Y SECUENCIAMIENTO DEL ARN	18
3.3.2.	SECUENCIAMIENTO DEL ARN.....	18
3.3.3.	ANÁLISIS BIOINFORMÁTICO DE LAS SECUENCIAS.....	18
IV.	RESULTADOS Y DISCUSIÓN	23
4.1.1.	POLIMORFISMO DE LOS MARCADORES MOLECULARES.....	23
4.1.2.	ALELOS SSR ÚNICOS	25
4.1.3.	ANÁLISIS DE COMPONENTES PRINCIPALES DE PNL.....	27
4.1.4.	ANÁLISIS DEL AGRUPAMIENTO MOLECULAR DE PNL	29
4.1.5.	ANÁLISIS MOLECULAR DE LA VARIANCIA GENÉTICA	32
4.1.6.	ANÁLISIS DE CORRESPONDENCIA DE POBLACIONES	34
4.2.	FENOTIPADO DE PAPA NATIVA <i>Solanum goniocalix</i>	36
4.3.	CUANTIFICACIÓN DE GENES DIFERENCIALMENTE EXPRESADOS EN HOJAS, ENTRE EL TRATAMIENTO INOCULADO Y CONTROL, DE ACCESIONES RESISTENTE Y SUSCEPTIBLE A <i>Phytophthora infestans</i> EN <i>Solanum goniocalix</i>	39
4.3.1.	CANTIDAD, PUREZA E INTEGRIDAD DE ARN.....	39
4.3.2.	SECUENCIAMIENTO CON ILLUMINA.....	41
4.3.3.	CALIDAD DE LAS LECTURAS.....	41
4.3.4.	LIMPIEZA DE LAS LECTURAS	46

4.3.5. MAPEO DE LAS LECTURAS AL GENOMA DE REFERENCIA.....	49
4.3.6. TABLA DE CONTEO DE LECTURAS	52
4.3.7. ANÁLISIS DE EXPRESIÓN DIFERENCIAL	53
4.4. ANÁLISIS DE ENRIQUECIMIENTO GO (GENE ONTOLOGY).....	73
4.5. ANÁLISIS DE ENRIQUECIMIENTO DE RUTAS METABÓLICAS KEGG (KYOTO ENCYCLOPEDIA OF GENES AND GENOMES).....	75
4.6. IDENTIFICACIÓN DE GENES CANDIDATOS ESPECÍFICOS DE <i>Solanum goniocalix</i> CIP- PARA RESISTENCIA CONTRA <i>Phytophthora infestans</i> POX67	78
V. CONCLUSIONES	82
VI. RECOMENDACIONES	84
VII. REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS	85
VIII. ANEXOS	106

ÍNDICE DE TABLAS

Tabla 1: Acciones de papa nativa utilizadas para el fenotipado por su respuesta a <i>Phytophthora infestans</i> . POX-67, proporcionados por el CIP y la UNSCH.....	16
Tabla 2: Distribución de las muestras biológicas de dos acciones de <i>Solanum goniocalix</i> , resistente (R) y susceptible (S), a <i>P. infestans</i> . Las muestras de tejido foliar fueron tomados en dos momentos a 0 y 48 hpi, considerando tres repeticiones en cada uno.....	17
Tabla 3: Número de alelos e índice del contenido polimórfico (PIC) de 10 microsatélites (SSRs) en 144 papas nativas locales (PNL) del norte de Ayacucho, Perú.	24
Tabla 4: Relación de alelos únicos detectados con marcadores de secuencia simple repetidas (SSR) en cada lugar de muestreo: Anco (A), Chungui (C) y Ticllas (T).....	26
Tabla 5: Análisis molecular de la variancia (AMOVA) general entre poblaciones A vs. C vs. T de PNL del norte de Ayacucho, Perú. El resultado presentado en el recuadro A es de la comparación entre poblaciones A,C y T. En el recuadro B, de la comparación entre grupos A vs (C y T).....	33
Tabla 6: Resultado del fenotipado de 20 acciones de papas nativas (Acciones proporcionadas por el CIP y la UNSCH) por su respuesta a <i>Phytophthora infestans</i> POX-67. Método foliolos en placa Petri. Yungay, fué la variedad control.....	37
Tabla 7: Cantidad (ng/ul) de ARN extraído de muestras de hoja de papa <i>Solanum goniocalix</i> , e indicadores de pureza mediante espectrofotometría a través de los coeficientes de absorbancia A260/A280 y A260/A230.....	39
Tabla 8: Valores del número de segmentos integros de ARN (RIN) en las extracciones de ARN de 12 muestras de <i>Solanum goniocalix</i>	41
Tabla 9: Resultado del rendimiento del secuenciamiento Illumina Hiseq 2500, considerando lecturas pareas (PE) (código_1 y código_2)	41
Tabla 10: Valores relacionados con los nueve parámetros de calidad reportados por Fastqc de las lecturas secuenciadas en las 12 librerías Par Ends (PE) de <i>Solanum goniocalix</i> , mediante plataforma Illumina.	42

Tabla 11: Resultado de la limpieza de los reads de las 12 librerías de <i>Solanum goniocalix</i> utilizando el programa Trimomatic, el promedio de supervivencia fue de 93.66 %	47
Tabla 12: Número y porcentaje de lecturas mapeados de 12 librerías de <i>Solanum goniocalix</i> al genoma de referencia de papa <i>Solanum tuberosum.Soltub.3.0.dna.toplevel.fa.gz</i>	50
Tabla 13: Relación de genes expresados diferencialmente en <i>Solanum goniocalix</i> , accesión resistente CIP-704270, Wira Pasña, a 48 hpi. Se cuantificaron 303 genes candidatos que otorgan resistencia contra <i>Phytophthora infestans</i> POX-067; de ellos 136 genes se sobre-expresan (35 +101 genes) y 167 genes- se sub expresan (42 +125 genes) en el proceso de resistencia	70
Tabla 14: Relación de genes candidatos sub-expresados, relacionados con la resistencia de <i>Solanum goniocalix</i> CIP-704270 (Wira Pasña) a <i>Phytophthora infestans</i> POX067, a 48 hpi. Anotados utilizando g:Profiler y la base de datos de PGSC_GENES.....	79
Tabla 15: Relación de genes candidatos Sobre-expresados, relacionados con la resistencia de <i>Solanum goniocalix</i> CIP-704270 (Wira Pasña) a <i>Phytophthora infestans</i> POX067, a 48 hpi anotados utilizando g:Profiler y la base de datos de PGSC_GENES	80

INDICE DE FIGURAS

- Figura 1: Ubicación geográfica de los sitios de muestreo de papas nativas: San José de Ticllas (T), Anco (A) y Chungui (C) en la zona del Proyecto de Gas de Camisea, norte de Ayacucho, Perú. El gasoducto (línea verde), conduce el gas líquido desde Camisea, cruzando la zona norte de Ayacucho, hasta llegar a Pisco. 13
- Figura 2: Esquema general del flujo de las principales etapas y actividades realizadas para lograr los objetivos específicos. 22
- Figura 3: Genotipado (ADN fingerprinting) de 48 muestras de papa nativa de la zona norte de Ayacucho (Zona T) con primer SSR STG0016 (dye 800, gel de acrilamida LI-COR 4300). Carriles extremo derecha e izquierda corresponden al marcador de peso molecular (PM)..... 23
- Figura 4: Análisis de componentes principales (PCA) de 144 papas nativas locales (PNL) de San José de Ticllas (T), Anco (A) y Chungui (C) en la zona norte de Ayacucho, Perú. Las líneas circulares indican la tendencia de agrupación de la PNL. El control accesión t59, híbrido de origen colombiano, está fuera de los grupos. 27
- Figura 5: Análisis de conglomerado UPGMA (unweighted pair-group method analyses). El recuadro superior izquierda revela tres grupos de clusters secundarios (A, C and T). En el recuadro amplificado, la línea vertical revela la formación de grupos terciarios con 144 PNL de los distritos de San José de Ticllas (T), Anco (A) y Chungui (C), del norte de Ayacucho, Perú, usando 67 alelos de 10 loci SSR. 30
- Figura 6: Análisis de correspondencia en las relaciones genéticas intra- e inter-poblacional entre PNL de Ancco (A), Chungui (C) y Ticllas (T) del norte de Ayacucho, Perú. S_B = distancia genética. 35
- Figura 7: Respuesta al fenotipado de papa nativa *Solanum goniocalix* de las accesiones CIP 704270 (Wira Pasña) y CIP 703777 (Sumaq Perqa). Método, foliolos inoculados con *Phytophthora infestans* cepa POX-67 en placas de Petri. Después de 5 días de inoculado. Variedad control, Yungay (derecha)..... 38
- Figura 8: Respuesta al fenotipado de papa nativa *Solanum goniocalix*: Wira Pasña (CIP 704270) y Sumaq Perqa (CIP 703777), método inoculación de asperjado en

planta entera con <i>Phytophthora infestans</i> , cepa POX-67. Antes de inocular y después de 5 días de inoculado.	38
Figura 9: Pureza e Integridad del ARN extraído en 12 muestras de papa <i>Solanum goniocalix</i>	40
Figura 10: Calidad de secuencia por bases (CSPB) en la librería ROD_1_fq de <i>Solanum goniocalix</i> . La misma calidad fue reportada para las otras librerías.....	43
Figura 11: En entorno Linux, los adaptadores Illumina y los cebadores utilizados en el RNA-Seq fueron separado con los comandos de Trimmomatic.	48
Figura 12: En entorno Linux y usando SAMtools son convertidos los archivos *.sam a *.bam.	52
Figura 13: Obtención de la tabla de conteo con featureCounts.	53
Figura 14: Izquierda, PCA de las 12 librerías. Derecha, librerías normalizadas de <i>Solanum goniocalix</i> con edgeR en Rstudio.	54
Figura 15: Perfil de expresión de 865 genes expresados diferencialmente sólo en la accesión susceptible (S) Sumaqperqa (CIP-703777) por estímulo del patógeno (<i>Phytophthora infestans</i> POX 67).	56
Figura 16: Perfil de expresión de 654 genes expresados diferencialmente sólo en la accesión resistente (R) Sumaq Perqa por estímulo del patógeno (<i>Phytophthora infestans</i> POX 67).	58
Figura 17: Diagrama de Venn-Euler de genes diferencialmente expresados entre la accesión susceptible (S) y la accesión resistente (R) de <i>S. goniocalix</i> , al ser estimulados con <i>Phytophthora infestans</i> POX-067 a 48 hpi.	59
Figura 18: Genes agrupados, en Diagrama de Venn-Euler, sobre-expresados (Up) y sub-expresados (Down) en cada accesión de <i>S. goniocalix</i> a partir de lo expresado diferencialmente en forma individual por estímulo del patógeno (<i>Phytophthora infestans</i> POX-067) a 48 hpi.....	61
Figura 19: Perfil de expresión diferencial de 400 genes entre las accesiones resistente (R), Wira Pasña, vs accesión susceptible (S), Sumaq Perqa, sin estímulo del patógeno (<i>P. infestans</i>) a 00 hpi.....	63
Figura 20: Perfil de expresión diferencial de 303 genes entre la accesión resistente (R), Wira Pasña, por el efecto combinado de accesiones (Sumaq Perqa y Wira pasña) más el efecto del tratamiento (patógeno <i>Phytophthora infestans</i> a 48 hpi).....	65

Figura 21: Diagrama de Venn-Euler de los genes expresados diferencialmente en Wira Pasña por el efecto combinado de accesiones (A) de <i>S. goniocalix</i> y tratamientos (T) a 48 hpi,.....	66
Figura 22: Genes agrupados, en Diagrama de Venn-Euler, sobre-expresados (Up) y sub-expresados (Down), representando a los expresados diferencialmente de Wira Pasña (resistente) estimulados por efecto combinado accesiones (A) y tratamientos (T) a 48 hpi.	68
Figura 23: Resultado del análisis de enriquecimiento GO (Gene Ontology), utilizando g:Profiler, de los 167 DEGs sub-expresados de <i>Solanum goniocalix</i> CIP-704270, (Wira Pasña).	73
Figura 24: Resultado del análisis de enriquecimiento GO (Gene Ontology), utilizando g:Profiler, de los 136 Up DEG de <i>Solanum goniocalix</i> CIP-0777, (Wira Pasña).....	74
Figura 25: Resultado del análisis de enriquecimiento de rutas KEGG, utilizando g:Profiler, de los 167 DEGs sub-expresados en <i>Solanum goniocalix</i> CIP-0777, (Wira Pasña). Se consideran significativos aquellos con $P_{adj} < 0.05$	76
Figura 26: Resultado del análisis de enriquecimiento de rutas KEGG, utilizando g:Profiler, de los 136 DEGs sobre-expresados en <i>Solanum goniocalix</i> CIP-704270, (Wira Pasña). Se consideran significativos aquellos con $P_{adj} < 0.05$	77

ÍNDICE DE ANEXOS

ANEXO 1: Identificación de 144 papas nativas, colectadas en el norte de Ayacucho	106
ANEXO 2: Análisis cofenético valida los métodos de agrupamiento utilizado, indicando que la distribución de los datos originales no han sido significativamente distorcionados con respecto a los datos de la matriz calculada con el software NTSYS. Existe una correlation de $r = 0.70$ ($p \text{ value} < 0.01$).	110
ANEXO 3: Calidad promedio de CSPL de los reads de las 24 librerías de <i>Solanum goniocalix</i> . El color azul indica muy buena calidad.....	111
ANEXO 4: Valor phed score, en base a la puntuación por calidad por secuencia (PCPS), fue de 36 para las 24 librerías secuenciadas de <i>Solanum goniocalix</i>	112
ANEXO 5: Calidad del contenido por base secuenciada (CPBS) promedio de las 24 librerías secuenciadas de <i>Solanum goniocalix</i>	113
ANEXO 6: Contenido de GC (CGC) promedio en las 24 librerías secuenciadas de <i>Solanum goniocalix</i>	114
ANEXO 7: Contenido de nucleótidos no identificados por base (CNPB) promedio en las 24 librerías secuenciadas de <i>Solanum goniocalix</i>	115
ANEXO 8: Distribución de la longitud de secuencia (DLS) en los reads de las 24 librerías secuenciadas de <i>Solanum goniocalix</i>	116
ANEXO 9: Nivel de duplicación por secuencia (NDPS) promedio de los reads de las 24 librerías secuenciadas de <i>Solanum goniocalix</i>	117
ANEXO 10: Contenido de Adaptadores (CA) en las 24 librerías secuenciadas de <i>Solanum goniocalix</i>	118
ANEXO 11: Contenido Kmer promedio en las 24 librerías secuenciadas de <i>Solanum goniocalix</i>	119
ANEXO 12: Tabla de 856 genes diferencialmente expresados solo en Sumaq Perqa (<i>Solanum goniocalix</i>) entre 48 hpi vs 00 hpi con LogFC de 2 y FDR < 0.001	120
ANEXO 13: Tabla de 654 Genes Expresados Diferencialmente solo en el transcriptoma de Wira Pasña (<i>Solanum goniocalix</i>); entre 48 hpi vs 00 hpi con LogFC de 2, $p\text{Value} \leq 0.0001$ y FDR < 0.001	139

ANEXO 14: Tabla de 400 Genes Expresados Diferencialmente entre el transcriptoma de <i>Solanum goniocalix</i> , Wira Pasña (R) 00 hpi vs Sumaq Perqa (S) 00 hpi con LogFC ₂ , pValue ≤ 0.0001 y FDR < 0.001.....	154
ANEXO 15: Tabla de 303 Genes Expresados Diferencialmente en <i>Solanum goniocalix</i> , entre Wira Pasña vs Sumaq Perqa 48 hpi con LogFC ≥ 2 y FDR < 0.001.....	163
ANEXO 16: GO análisis de los 167 genes DOW expresados en <i>S. goniocalix</i>	170
ANEXO 17: GO análisis de los 136 genes UP expresados en <i>S. goniocalix</i>	171
ANEXO 18: Asignación Funcional de 167 DEGs Down de Wira Pasña (<i>S. goniocalix</i>) que confieren resistencia a <i>P. infestans</i>	172
ANEXO 19: Asignación Funcional de 136 DEGs Up de Wira Pasña (<i>S. goniocalix</i>) que confieren resistencia a <i>P. infestans</i>	179
ANEXO 20: Publicaciones Derivados de la Presente Investigación.....	185

RESUMEN

Con el objetivo de identificar genes candidatos para resistencia a *Phytophthora infestans*, en papas nativas locales (PNL) de tres poblaciones de Ayacucho (Anco, Chungi y Ticllas), se evaluó la diversidad genética de 144 PNL. Con 10 marcadores SSR se distinguieron 67 alelos polimórficos, 14 genotipos y 18 alelos únicos. El AMOVA mostró que el 27.92 % de la diversidad alélica está distribuida entre las poblaciones, y el 72.08 % está distribuido dentro de las poblaciones, con F_{ST} promedio de 0.279. Se encontró alta diversidad intra e inter poblacional, y cada una constituyen poblaciones genéticamente cerradas. Se fenotiparon 20 accesiones de papa nativa expuesta a *P. infestans* POX-67. Se seleccionaron las accesiones Wira Pasña (CIP 704270) y Sumaq Perqa (CIP 703777) de la especie *Solanum goniocalix*, como resistente y susceptible, respectivamente. Las dos accesiones seleccionadas fueron inoculadas con *P. infestans* POX-67, se extrajo ARN de muestras foliares a 0 y 48 hpi. En el transcriptoma (*Solanum goniocalix*) se cuantificó 40,336 transcritos en las librerías ARNseq, cada librería con una profundidad promedio de 28.02 millones de lecturas (secuenciamiento Illumina). Las lecturas se alinearon al genoma de referencia con una eficiencia de mapeo de 92.01%. Se reportan 19,666 genes alineados que no distorsionan el modelamiento en todas las repeticiones y al menos en un tratamiento. En la accesión resistente CIP-704270 (Wira Pasña) se identificaron 303 genes relacionados con la resistencia a *P. infestans*. Considerando la dirección de su expresión diferencial, se contabilizó 136 genes sobre-expresados y 167 genes sub-expresados, relacionados a resistencia en *S. goniocalix* a *P. infestans* ($\text{Log}_2\text{FC} \geq 2$ y $\text{FDR} \leq 0.001$). Del análisis de enriquecimiento GO (Gene Ontology) y de rutas metabólicas KEGG (Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes) se identificaron 20 genes candidatos relacionados a resistencia contra *P. infestans* POX-67 a 48 hpi.

Palabras clave: AMOVA, SSR, Fenotipado, ARNseq, Genes, *Phytophthora infestans*.

ABSTRACT

With the aim of identifying resistance genes candidates against *Phytophthora infestans*, in native potatoes landrace (NPL) of three populations of Ayacucho (Anco, Chungi and Ticllas). The genetic diversity of 144 NPL was evaluated. A total 10 SSR markers were screened and produced 67 polymorphic alleles, 14 genotypes and 18 unique alleles were distinguished. The AMOVA test showed that 27.92% of allelic diversity was distributed among populations, and 72.08% within populations, with an average F_{ST} of 0.279. High intra and inter populational diversity was found, and each constitute genetically closed populations. Twenty native potato accessions were phenotyped after being exposed to *P. infestans* POX-67. Accessions Wira Pasña (CIP 704270) and Sumaq Perqa (CIP 703777) of the *Solanum goniocalix* species were selected as resistant and susceptible samples, respectively. The two selected accessions were inoculated with *P. infestans* POX-67. RNA was extracted from samples at 0 and 48 hpi. In the transcriptome (*Solanum goniocalix*), 40,336 transcripts within the RNAseq libraries, each library with an average depth of 28.02 million readings (Illumina sequencing). Reads were aligned at reference genome with a mapping efficiency of 92.01%. In total 19,666 aligned genes were kept for downstream analysis that had more than 10 reads per library in at least three biological replicates. In the resistant accession CIP-704270 (Wira Pasña) 303 resistance-related genes to *P. infestans* were identified. Considering the direction of its differential expression, 136 up-expressed genes and 167 down-expressed genes as resistance *S. goniocalix* to *P. infestans* ($\text{Log}_2\text{FC} \geq 2$ and $\text{FDR} \leq 0.001$). From the GO (Gene Ontology) enrichment analysis and KEGG metabolic pathways (Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes), 20 candidate resistance-related genes against *P. infestans* POX-67 were identified at 48 hpi.

Keywords: AMOVA, SSR, Phenotyping, ARNseq, Genes, *Phytophthora infestans*.

I. INTRODUCCIÓN

El Oomiceto *Phytophthora infestans* (Mont.) de Bary, es el causante de la enfermedad denominada Tizón Tardío (late blight). Ésta enfermedad es considerada como a una de la más devastadoras, de plantas, especialmente del cultivo de papa (Agrios 2005); no solo el follaje es destruido, sino también los tubérculos son infectados destruyéndolos rápidamente. El fitomejoramiento ha utilizado genes mayores (R) para la obtención de nuevas variedades con resistencia cualitativa, pero generalmente poco duradera. Se estima un impacto de pérdidas de hasta USA \$6 billones anuales a causa de esta enfermedad (Haverkort *et al.* 2016). Numerosos fungicidas son usados para proteger la papa. En Estados Unidos, solo en el año 2001, más de 2000 toneladas de fungicida ha sido usado para controlar esta enfermedad (Rjboudwi 2019). En Ayacucho, las papas nativas son el principal sustento económico y alimenticio del poblador alto andino; sin embargo, sufre el ataque de *Phytophthora infestans*, mermando su economía y poniendo en riesgo la seguridad alimentaria de la población. El impacto del cambio climático también es aumentar el uso intensivo de fungicidas (Metalaxil), haciendo perder calidad para exportación, afectando la salud de los agricultores y consumidores.

La papa (*Solanum tuberosum* L.), familia Solanaceae, es una planta herbácea y tuberosa cuyo cultivo es de gran importancia a nivel mundial (FAO 2008). Es el tercer cultivo más importante en el mundo, después del arroz y el trigo (Devaux *et al.* 2014); además el más importante cultivo alimenticio no cereal, con una producción mundial alrededor de 376.8 millones de toneladas (FAOSTAT 2019). Las papas pigmentadas contienen altos niveles de nutrientes importantes para la salud humana, incluye vitamina C, hierro (Gibson y Kurilich 2013), carotenos (Lachman *et al.* 2016) y antioxidantes (Andre *et al.* 2007; Ah-Hen *et al.* 2012) y, por lo tanto, han sido considerado como un alimento funcional (Campos *et al.* 2006; Charepalli *et al.* 2015). La papa crece en ambientes secos y húmedos, desde el nivel del mar hasta más de 4,000 m.s.n.m., desempeñando un papel importante en la seguridad alimentaria de los pobladores altoandinos (Devaux *et al.* 2014; Tobin *et al.* 2016). *S. tuberosum* es

tetraploide ($2n = 4 \times = 48$), existiendo parientes silvestres desde diploides hasta hexaploides, con un número básico de 12 cromosomas (Scurrah *et al.* 2008).

Para los agricultores peruanos es muy importante la papa nativa *S. goniocalix* ($2n = 2X = 24$), la que prevalece en zonas altoandinas en las regiones Cerro de Pasco, Junín, Huancavelica, Ayacucho, Apurímac y Cusco, formando parte de su seguridad alimenticia y con valor comercial en el mercado de exportación. En el catálogo de papas nativas de Huancavelica (CIP 2006) el 24.3% de dicha muestra pertenecen a la especie *S. goniocalix*, y ninguno a *S. phureja*; además que 3.4 % corresponden a *S. stenotomum*, 54.3 % a *S. andigena*, 15.9% a *S. chaucha*, 0.69 % a *S. juzepzukii* y 1.38 % a *S. curtilobum*. Estudios de expresión diferencial con ARNseq de las papas nativas cultivadas sólo se han realizado con *S. phureja*, estresada con *Phytophthora infestans* por Evers *et al.* (2006) y Massa *et al.* (2011); mientras que Rodríguez Fuerte *et al.* (2014) la estresaron con *Spongospora subterranea*, pero ninguna en *Solanum goniocalix*.

Para el secuenciamiento del genoma de la papa se utilizó una línea de papa nativa *Solanum t.* del grupo *Phureja* (DM1-3 516 R44), lo cual ha permitido construir una base de datos importantísima para identificar genes de resistencia a factores bióticos y abióticos. Entonces, con la tecnología actual de ARNseq, y bioinformática, podemos generar respuestas al problema planteado: ¿Cuántos y cuáles son los genes que confieren resistencia genética duradera contra *Phytophthora infestans*, en papas nativas (diploides) cultivadas como *Solanum goniocalix*?

La secuencia del genoma de la papa fue publicado por el Consorcio Mundial para el Secuenciamiento del Genoma de la Papa (PSGC) (Xu *et al.* 2011). Las universidades peruanas UNSCH y UPCH contribuyeron directamente a este logro. El reto es utilizar esta información para poner en valor los genes de las papas nativas y convertirlo en fuente de ingreso para los agricultores. La demanda interna y especialmente la exportación de papas nativas en las últimas décadas ha crecido. Perú tiene el potencial de seguir consolidándose como el principal productor mundial de papa nativa; sobre todo en los últimos 5 años esta exportación creció en 211% (Peru21 2016). En contraste, el primer semestre del 2017 se importó papa tipo “snack” por U\$ 2.3 millones a un precio de U\$ 5.23 kilo (Koo 2017). Sin embargo, una importante limitación es que los cultivos son muchas veces diezmados por el

ataque del Tizón tardío y el agricultor se ve obligado a usar fungicidas, como el metalxyl, que hacen perder calidad de exportación, como papa nativa “orgánica”, además de contaminar el medio ambiente, daño a la salud de los agricultores y consumidores.

Lozano *et al.* (2012) identificaron *in silico* genes R que podrían conferir resistencia contra diferentes patógenos, entre ellos a *Phytophthora infestans*. Los resultados de evaluaciones *in vivo* del presente proyecto contribuirán a confirmar e identificar otros genes candidatos de resistencia en el *pool* genético de papas nativas diploides de la región, utilizando el secuenciamiento masivo ARNseq y el análisis comparativo de la expresión genética; también para QTLs de resistencia al Tizón Tardío (Li *et al.* 2012; Hidalgo y Andrea 2015). Estos servirán para diseñar planes de mejoramiento genético asistido con marcadores moleculares, disminuir el uso de pesticidas, tendiendo al uso de resistencia genética e incrementando el rendimiento y calidad para exportación de las papas nativas, entre ellas *Solanum goniocalix*.

El objetivo general es caracterizar la expresión del transcriptoma del germoplasma de papas cultivadas nativas (*Solanum goniocalix*), en la resistencia a *Phytophthora infestans*.

Los objetivos específicos son:

1. Determinar la variabilidad genética de 144 accesiones de papas nativas de la zona norte de Ayacucho usando Marcadores Moleculares SSR.
2. Fenotipar accesiones de papas nativas por su reacción contra *Phytophthora infestans* e identificar clones resistente y susceptible.
3. Identificar genes candidatos de resistencia a *Phytophthora infestans*, cuantificando genes diferencialmente expresados en hojas, entre el tratamiento inoculado y control (sin inocular), de accesiones resistente y susceptible en *S. goniocalix*.

II. REVISIÓN DE LITERATURA

2.1. PAPA NATIVA CULTIVADA, CLASIFICACIÓN

En combinación con los análisis morfológicos (Huamán y Spooner 2002), y una evaluación de la historia de la identificación de las colecciones en el CIP, (Spooner *et al.* 2007) propusieron una reclasificación de las papas cultivadas en cuatro grupos varietales: (i) Grupo *S. tuberosum*, con dos sub-grupos de cultivares: el primero, *andigenum* de genotipos alto-andinos que contienen diploides (*S. Phureja*, *S. stenotomum* y *S. goniocalix*), triploides (*S. chaucha*) y tetraploides (*S. andigena*); y el segundo, *chilotanum* de variedades chilenas tetraploides de tierras bajas; (ii) Grupo *S. ajanhuiri* (diploide); (iii) Grupo *S. juzepczukii* (triploide); y (iv) Grupo *S. curtilobum* (pentaploide). Spooner *et al.* (2007) no utilizaron el signo de multiplicación (X) para indicar el origen híbrido de ninguno de estos taxones porque son estables en la naturaleza y tienen un largo historial de uso como especie. Esta clasificación fue ratificada por Ovchinnikova *et al.* (2011) al realizar la taxonomía de papas cultivadas (*Solanum* sección *Petota: Solanaceae*) que se muestra en la Tabla siguiente:

KEY TO CULTIVATED POTATO LANDRACES	
The following key and descriptions, modified from Huamán & Spooner (2002), highlight typical traits. The qualifier terms 'mostly' or 'usually' could be employed throughout the key, but are not used for simplicity.	
1. Plants semi-rosette to semi-erect; pedicel articulation indistinct to only slightly distinct, located in the upper one-fifth of the pedicel; frost tolerant (of putative hybrid origin with the frost-tolerant species <i>S. acaule</i> or <i>S. megistacrolobum</i>).....	2
1. Plants ascending to erect; pedicel articulation evident, located below the upper one-fifth of the pedicel; generally not frost tolerant.....	4
2. Most distal lateral leaflets broadly decurrent; plants diploid.....	1. <i>S. ajanhuiri</i> (Fig. 1)
2. Most distal lateral leaflets not or only slightly decurrent; plants triploid or pentaploid.....	3
3. Plants low growing, 62–98 cm tall; triploid.....	3. <i>S. juzepczukii</i> (Fig. 3)
3. Plants of medium height, 96–125 cm tall; pentaploid.....	2. <i>S. curtilobum</i> (Fig. 2)
4. Plants adapted to short-day flowering and tuberization; upper leaves diverged from stem at 40°–50°; diploid, triploid or tetraploid.....	4. <i>S. tuberosum</i> <i>Andigenum</i> group (Fig. 4)
4. Plants adapted to long-day flowering and tuberization; upper leaves diverged from stem at angle of 50°–90°.....	5
5. Landrace populations native to south-central Chile.....	4. <i>S. tuberosum</i> <i>Chilotanum</i> group (Fig. 5)
5. Modern varieties originally derived from breeding populations in the Northern Hemisphere, now grown worldwide; of many complex hybrid origins from the <i>Chilotanum</i> and <i>Andigenum</i> groups and other cultivar groups bred up to the earlier 20th century.....	4. <i>S. tuberosum</i> relatively modern varieties

FUENTE: Ovchinnikova *et al.* (2011).

El Perú, centro de origen de la papa (Spooner *et al.* 2005), posee gran diversidad genética de este cultivo (Ochoa 1999); uno de los retos es poner en valor los genes de las papas nativas y desarrollar como fuente de ingreso para los agricultores.

2.2. MARCADOR SSR Y DIVERSIDAD MOLECULAR DE PAPA

Marcadores de secuencias simples repetidas (SSR), de bibliotecas genómicas de ADN complementario (ADNc) y de secuencia expresada etiquetada (EST) (Milbourne *et al.* 1998; Ashkenazi *et al.* 2001; Ghislain *et al.* 2004; Feingold *et al.* 2005; Ghislain *et al.* 2009) se han utilizado para caracterizar la diversidad genética de papa (Chimote *et al.* 2004, Ispizúa *et al.* 2007, De Haan *et al.* 2013, Roca 2015, Monteros-Altamirano *et al.* 2017); establecer colecciones centrales (Anoumaa *et al.* 2017), para estudios filogenéticos (Ghislain *et al.* 2009); para ayudar en la clasificación taxonómica de papa (Raker y Spooner 2002, Spooner *et al.* 2007, Ovchinnikova *et al.* 2011, Spooner *et al.* 2014); identificar duplicados en bancos de germoplasma (Escribano *et al.* 2008, Maras *et al.* 2017); evaluar la resistencia a enfermedades (Ghislain *et al.* 2001, Dorado 2014); estudiar la migración de germoplasma (Ríos *et al.* 2007); y para evaluar los análisis de genotipo parental (Spanoghe *et al.* 2015). Los SSR se usan ampliamente, no solo en la papa sino también en otras especies como *Mangifera indica* L. (Singh *et al.* 2007), *Ipomoea batatas* (L.) Lam. (Ashkenazi *et al.* 2001, Meng *et al.* 2018), *Theobroma cacao* L. (Londoño Murillo *et al.* 2011) y *Rubus glaucus* Benth (Delgado *et al.* 2014).

Los SSR ofrecen alta reproducibilidad (Jones *et al.* 1997, Nováková *et al.* 2010) en la identificación de variedades. Coombs *et al.* (2004) propusieron una combinación de SSR, STM0019, STM0031, STGBSS1 y marcadores POTM1-2, para la técnica denominada Fingerprinting aplicada en la identificación de variedades de papa. Ghislain *et al.* (2004) seleccionaron 22 de 156 SSR como particularmente útiles para la caracterización molecular del germoplasma de papa. Posteriormente, Ghislain *et al.* (2009) seleccionaron 24 SSR con valores de contenido de información polimorfa (PIC) de 0.250 a 0.884, y las evaluaciones fueron exitosas en todos los niveles de ploidía, desde papas cultivadas diploides a pentaploides. Además, sobre la base de los altos valores PIC, la distribución generalizada en el genoma de la papa y la alta calidad de amplificación, Ghislain *et al.* (2009) definieron un grupo de 18 marcadores SSR para cubrir todos los cromosomas de la papa. Karaagac *et al.* (2010) seleccionaron un subconjunto de seis marcadores SSR (STI0001, STI0003, STM0031,

STM1106, STM0037 y STM0030) con los valores más altos de PIC y demostraron que son capaces de diferenciar 54 variedades de papa. Del mismo modo, Zhuk *et al.* (2008) tomaron el fingerprinting de 59 cultivares de papa usando cuatro marcadores SSR, a saber, STM1021, STM1004, STM3016 y STM0037, y Marchezi *et al.* (2010) solo utilizó STM0030 y STM2013 para lograr el fingerprinting exitoso de 14 variedades de papa brasileñas. Kishine *et al.* (2017) empleó ocho marcadores SSR para discriminar claramente 72 de las 76 variedades de papas de Japón y los Estados Unidos.

Soto *et al.* (2014) analizaron el grado de diversidad genética de una muestra aleatoria de 79 variedades nominales de papa nativa (*Solanum spp.*) procedentes de cinco regiones políticas del Perú (Ayacucho, Cajamarca, Cusco, Huancavelica y Puno), utilizando 18 marcadores microsatélites. La región de Cuzco presentó el mayor número de alelos (130 alelos). De los 166 alelos caracterizados, 72 alelos (43.37%) fueron comunes o compartidos con las 5 regiones de colecta. La región de Puno presentó el mayor número de alelos exclusivos (8 alelos). Las 42 variedades nominales de *S. tuberosum* subsp. *andigena* tuvieron una diversidad promedio de 0.74 y las 18 variedades nominales de *S. x chaucha* una diversidad promedio de 0.70.

Ispizúa *et al.* (2007) reportaron la diversidad de 155 accesiones de papa conservadas en el Genebank de INTA (Balcarce) que fue evaluado con cuatro microsatélites; tres variedades comerciales del grupo *Tuberosum* y una accesión del grupo *Curtlobum* fueron usadas como “outgroups”. Los resultados muestran la distribución de la diversidad genética indicando la presencia de sitios con alta diversidad genética en la provincia de Jujuy. Recomendando que la conservación debería realizarse basándose en los genotipos dentro y entre cultivares nativos con el objetivo de preservar la variabilidad de las especies cultivadas.

Torres (2012) integró marcadores microsatélites en el mapa ultradenso de *Solanum tuberosum* y su comparación con el de *Solanum phureja*. La comparación de los mapas genéticos de RH89-039-16 y DM1-3516R44 reveló la existencia de colinearidad en grandes fragmentos de los cromosomas II, V y VI, mientras que los cromosomas I, IV, X y XII presentan diferencias en cuanto al contenido de ciertos marcadores. Los cromosomas VII y IX muestran la presencia de rearrreglos cromosómicos que podrían ser inversiones o translocaciones, además la presencia de loci duplicados en los cromosomas VIII, I y II, lo cual indicaría la ocurrencia de eventos de

duplicación intra e intercromosómicos. Sin embargo, para verificar tales cambios será necesario cartografiar más microsátélites y saturar la zona cromosómica de interés

Maras *et al.* (2017) evaluaron 26 accesiones de papa caracterizándolos con 12 marcadores SSR en SASA (Science and Advice for Scottish Agriculture): trece accesiones mostraron perfil molecular diferente, siete accesiones fueron similares a cultivares conocidos, dos perfiles fueron repetición de otros dos cultivares, y cuatro perfiles fueron únicos que ingresaron a la base de datos de SASA.

Sharma y Nandineni (2014) estudiaron la diversidad genética de papa de la India usando marcadores basados en SSR y retrotransposones. Cuarenta variedades de papa fueron obtenidas del Central Potato Research Institute (CPRI), en Shimla, Himachal Pradesh, India. Utilizaron 23 marcadores SSR. Aunque los marcadores de SSR son muy eficientes para la evaluación sistemática de la diversidad genética, análisis de ligamiento, evaluación de germoplasma e identificación de cultivares en especies altamente heterocigotas incluyendo papa, los marcadores basados en RTN (repeat retrotransposons) son una nueva técnica de marcador molecular; aún no completamente explotada, para analizar diversidad genética y realizar estudios de identificación de variedades y programas de mejoramiento en papa. La alta reproducibilidad, el bajo costo y la facilidad de recopilación de datos para los marcadores basados en RTN los convierten en sondas moleculares de barrido del genoma altamente eficientes para estudios genéticos poblacionales. Los marcadores IRAP (Inter-Retrotransposon Amplified Polymorphism) demostraron la mayor capacidad de discriminación entre los tres sistemas de marcadores estudiados

Ghislain *et al.* (2004, 2009) evaluaron 742 papas de la colección conservada en el CIP con 51 marcadores SSR (simple sequence repeat, o microsattélites) estableciendo un kit de SSR para la identificación genética de papa. Todos los marcadores SSR fueron evaluados con la colección de variedades de todas las especies de papa cultivada con rangos de ploidia desde diploides hasta pentaploides.

Norero *et al.* (2002) identificaron y validaron que con solo cuatro SSR logró discriminar entre 37 papas comerciales cultivadas en INTA (Argentina). Los valores PIC fueron en el rango de

0.63 a 0.73 y la separación de alta resolución fue en electroforesis con agarosa. Los patrones de banda obtenidos fueron muy claros y a bajo costo, el cual podría ser una técnica de rutina para identificación de cultivares.

2.3. *Phytophthora infestans*, RESISTENCIA GENÉTICA

El origen de *P. infestans* según recientes estudios sugiere que fue en México, y subsecuentemente migro a los Andes (Goss *et al.* 2014), teniendo en este centro de origen altos niveles de diversidad genética y fenotípica (Yoshida *et al.* 2013). *Phytophthora infestans* presenta gran variabilidad en la región de los Andes peruanos y bolivianos, la misma que es considerada el centro de la diversidad de la papa. Las cepas analizadas de esta región indicaron que la colección tenía cinco linajes clonales EC-1, US-1, PE-3, PE-5 y PE-6 (Perez *et al.* 2001). La población de *P. infestans* que ataca a la papa cultivada en el Perú consiste mayormente de cepas que pertenecen al mismo linaje clonal EC-1. Este linaje apareció en los años 90 remplazando al linaje anterior US-1; y aunque se trata de un linaje clonal, las cepas demuestran una gran variación en virulencia (Delgado 2019), caracterizándose además por ser resistente a metalaxyl y por ser ampliamente virulento (Perez *et al.* 2001).

Phytophthora infestans fue identificado como patógenos hace más de 150 años, y todavía continúa “emergiendo”, y generando muchas publicaciones cada año, relacionado a la enfermedad tizón tardío. Hay varias razones para que este Oomiceto mantenga atención constante: La tragedia histórica de la hambruna en Irlanda (siglo XIX), la aparición de nuevas devastaciones sorprendentes en nuevas localidades, indica que la población de *P. infestans* en el mundo se encuentra en movimiento, generando cambios en su manejo. La genómica está ayudando a entender la biología molecular de *P. infestans*, pero aún quedan muchas preguntas por responder (Fry *et al.* 2015).

Combinaciones de genes mayores, o genes R, pueden conferir casi inmunidad contra ciertas razas del patógeno (Vanderplak 1984). Esta resistencia es cualitativa de tipo raza-específico. *Solanum demisum* (Malcolmson y Black 1966, Haynes *et al.* 1998) y *Solanum stoloniferum* (Schick *et al.* 1958) fueron usados como fuente de resistencia cualitativa. Esta resistencia puede mostrar inestabilidad debido a que las razas compatibles del patógeno son seleccionadas rápidamente en condiciones de campo. El otro tipo de resistencia, la

cuantitativa, se basa en múltiples genes de efectos relativamente pequeños, la que técnicamente rinden resistencia parcial al hospedante para todas las razas del patógeno (Vanderplak 1984). La resistencia cuantitativa es considerada más durable, sin embargo la expresión de la resistencia cuantitativa puede ser afectada por las condiciones medioambientales, por lo cual su estabilidad debe ser evaluada usando diferentes pruebas o condiciones de producción (Wulff *et al.* 2007).

La teoría convencional sugiere que el fenotipo más extremo en resistencia se basa en el concepto de gen por gen, y es eficaz sólo contra razas del patógeno que portan y expresan un alelo de avirulencia (Avr), el cual es compatible con un gen mayor de resistencia (R) en el hospedero. Aunque la resistencia del gen R proporciona un fenotipo de resistencia extrema, es vulnerable a los cambios en la población de patógenos (Flor 1971). El fenotipo de resistencia al tizón tardío en la papa se ha clasificado en dos categorías, vertical y horizontal, donde la resistencia vertical (gen R) se expresa generalmente como completa, con pocos o ningún síntoma de la enfermedad, generalmente se mide como presente o ausente. La resistencia horizontal es, en teoría, eficaz contra todas las razas de patógenos y generalmente se evalúa mediante una medida del progreso de la enfermedad a través del tiempo, ya sea midiendo la tasa de aumento de la enfermedad o el área bajo la curva de progreso de la enfermedad. Recientemente, se propuso una escala de intervalo para convertir las medidas de resistencia sinóptica en valores más fácilmente interpretables entre 0 y 9 (Forbes 2012). Esta escala tiene una estructura de intervalo, se ancla a un cultivar control para tener en cuenta los efectos ambientales, y se considera que proporciona una comparación robusta de la susceptibilidad de los genotipos a *P. infestans* entre años y lugares (Yuen y Forbes 2009). Utilizando la escala de 0 a 9 evaluaron genotipos mejorados de papa (Lindqvist-Kreuze *et al.* 2014) encontrando que el polimorfismo de un solo nucleótido (SNP) marcador en el cromosoma 9 está asociado con la resistencia al tizón tardío: Los genotipos con combinaciones AACC o AAAC para este SNP eran altamente resistentes sólo en algunos ambientes, mientras que los genotipos con la combinación AAAA tenían niveles más moderados de resistencia pero eran estables en todos los ambientes.

2.4. GENÓMICA DE LA PAPA

El Consorcio Mundial para el Secuenciamiento del Genoma de la Papa (The Potato Genome Sequencing Consortium (PGSC), del cual las universidades peruanas UNSCH y UPCH son partes integrantes, realizó la primera secuencia del genoma de la papa utilizando un clon doble monoploide (referido como DM), ensamblando el 86% de las 844 megabases del genoma; también, secuenciaron un diploide heterocigota (referido como RH) identificando mutaciones y variantes genéticas (Xu *et al.* 2011). Usaron *S. tuberosum* grupo *Phureja* DM1-3 516 R44 para integrar los datos de las secuencias del heterocigota diploide línea mejorada *S. tuberosum* grupo *Tuberosum* RH89-039-16 (Xu *et al.* 2011). Los resultados constituyen una base de datos importante y/o una plataforma para el mejoramiento de la papa. Estos resultados, más la biotecnología moderna contribuirán a encontrar soluciones para los problemas bióticos y abióticos que limitan la productividad de la papa nativa en el Perú.

Análisis genómicos comparativos han demostrado que los genomas de las plantas pueden codificar varios cientos de genes de resistencia (R) en las plantas como NBS (nucleotide-binding site)-LRR (leucine-rich repeat) los que son proteínas dominantes, y que ocurren con gran diversidad en número y distribución de estos genes (Porter *et al.* 2009; Wang *et al.* 2004; Shang *et al.* 2009). La distribución de los genes NBS-LRR parece ser irregular en muchas especies estudiadas, con muchos cromosomas caracterizados por tener más genes NBS-LRR que otros. Por ejemplo, en papa, la mayor cantidad de genes NBS-LRR son encontrados en los cromosomas 4 y 11 (alrededor 15% de genes mapeados), con un menor número en el cromosoma 3 (1%) (Jupe *et al.* 2013; Lozano *et al.* 2012). En un estudio previo realizado en la Unidad de Genómica-UPCH se identificó *in-silico* las secuencias y posiciones genómicas de 362 genes de resistencia (R) en el genoma de *Solanum tuberosum* Grupo *Phureja* (Lozano *et al.* 2012).

El descubrimiento de efectores silenciados en las poblaciones del patógeno pueden guiar al uso de genes *R* específicos en los programas de mejoramiento genético. Por ejemplo, en el contexto de los Andes, donde el linaje clonal EC-1 de *Phytophthora infestans* predomina, se debería evaluar el uso potencial del gen *Rpi-vnt1* ((Izarra y Lindqvist-Kreuze 2016).

La tendencia en los últimos diez años, de las tecnologías de secuenciamiento de última generación (next generation sequencing, NGS) que procesan cientos de miles de fragmentos

de ADN en paralelo, es disminuir el costo por base de secuencia generada y elevar el rendimiento medido en la escala de gigabases (Gb); incluso, avances recientes han hecho posible dirigir el secuenciamiento hacia regiones definidas (Mamanova *et al.* 2010). Sin embargo, secuenciar en su totalidad genomas largos y complejos en condiciones de bajo desarrollo económico aún resulta en un alto costo, pudiendo contratar la secuenciación en laboratorios externos con costo de aproximadamente 450 dólares por muestra (UCLA 2017).

Entre el 2013 al 2016 se desarrolló en el Perú, el proyecto “Creación de una Plataforma Bioinformática basada en el Análisis de Datos de Tecnologías de Secuenciamiento de Alto Rendimiento para identificar, en la biodiversidad de papas nativas de Ayacucho, Genes de Resistencia a Parásitos”, realizado entre UPCH y la UNSCH con financiamiento del FINCYT. Este trabajo de investigación permitió ganar experiencia de secuenciar el ADN de papas nativas con fenotipo resistente contra el nematodo *Globodera spp* y compararlo con una variedad susceptible de papa. De esa manera se lograron identificar y aislar genes candidatos para ser utilizados en futuros programas de mejoramiento de papa. También este experimento sirvió como “prueba de concepto” estableciendo e instalando en la UPCH una plataforma bioinformática capaz de analizar información genómica para ser utilizada en el análisis de muchas características en papa y otras plantas de interés alimenticio (FINCYT 2016).

2.5. EXPRESIÓN DIFERENCIAL DE GENES EN PAPA NATIVA

Wang *et al.* (2004) investigó la expresión diferencial de los genes *paII* y *hmgr2* usando analisis con Northern blot en dos cultivares de papa (Russet Burbank (RB), susceptible y Kennebec (KB), moderadamente tolerante) despues de inocular con dos aislamientos de *Phytophthora infestans* correspondientes a los genotipos (US-1) y (US-8). Evaluaron el efecto de la ubicación y/o lugar de inoculación en la hoja, demostrando la translocación de la señal desde el sitio de inoculación hacia toda la planta.

(Evers *et al.* 2006) evaluaron la expresión diferencial del Tizón tardío, de dos loci del gen *PR-1*, los genes *PR-1b1* y *PR-1b2* que, clonados y aislados, codifican para proteínas tóxicas para patógenos. Los genes fueron aislados de *Solanum phureja*, una papa nativa con resistencia horizontal al Tizón tardío. Demostaron, usando mapeo genético, que *PR-1*

comprende una pequeña familia de multigenes localizado en el cromosoma IX. La expresión de *PR-1* fue diferente en genotipos resistentes y susceptibles al Tizón tardío.

Gao *et al.* (2013), utilizando líneas transgénicas de *Solanum tuberosum*, var Russet Burbank, realizó el análisis de ARNseq interactuando con *Phytophthora infestans* a las 48 horas post inoculación de tubérculos, encontró alta expresión de ARN para el análisis de expresión diferencial. Resultados similares, relacionado con mayor expresión diferencial a las 48 horas post inoculación, fueron reportado también por Wang *et al.* (2004), Stefańczyk *et al.* (2017), Romero y Xavier (2010), Wang *et al.* (2005), Ali *et al.* (2014) y Monsalve-Fonnegra *et al.* (2012) trabajando en diferentes condiciones. En otros como Avrova *et al.* (2003) observaron alta expresión diferencial a solo 15 horas post inoculación en el cultivar Bintje de *Solanum tuberosum* interactuando con razas de *P. infestans* 80029, 88133 y T30-4 en la Universidad de Wageningen. Gao y Bradeen (2016) analizaron la expresión diferencial a las 6 horas post inoculación en líneas transgénicas de *Solanum tuberosum* var Russet Burbank. Evers *et al.* (2005) encontraron mayor expresión diferencial entre las 36 y 48 horas post inoculación al evaluar *S. phureja* inoculada con *Phytophthora infestans*.

III. MATERIALES Y MÉTODOS

3.1. PARA EL ESTUDIO DE LA DIVERSIDAD GENÉTICA DE PAPAS NATIVAS

Ciento cuarenta y cuatro variedades cultivadas de papas nativas locales (PNL) procedentes de la región norte de Ayacucho, fueron colectadas en campo de agricultores conservadores y en ferias comunales. La identificación de las papas colectadas de cada zona se reporta en el Anexo 01. En la provincia de La Mar se colectó en los distritos de Anco (latitud Sur $13^{\circ}03'33''$, longitud Oeste $73^{\circ}42'26''$, altitud 3155 m.s.n.m.) y Chungui (latitud Sur $13^{\circ}13'20''$ Sur, longitud Oeste $73^{\circ}37'27''$, altitud 3572 m.s.n.m.), poblaciones A y C respectivamente. En la provincia de Huamanga en el distrito de San José de Ticllas (latitud Sur $13^{\circ}07'56''$, longitud Oeste $72^{\circ}20'00''$, altitud 3267 m.s.n.m), población T. En la Figura 1 se muestra la ubicación geográfica de los sitios de muestreo.

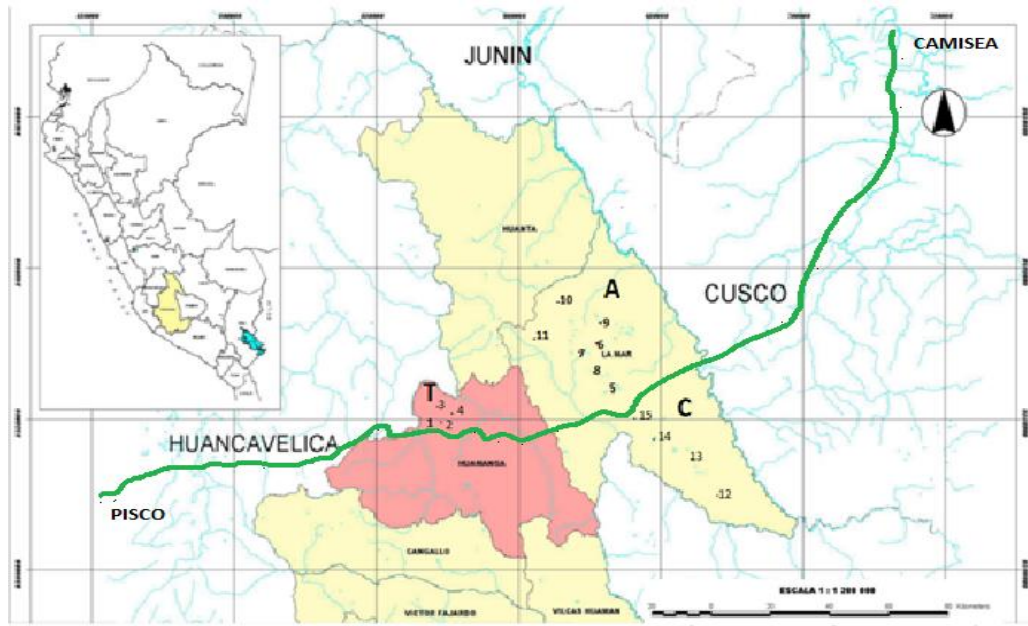


Figura 1: Ubicación geográfica de los sitios de muestreo de papas nativas: San José de Ticllas (T), Anco (A) y Chungui (C) en la zona del Proyecto de Gas de Camisea, norte de Ayacucho, Perú. El gasoducto (línea verde), conduce el gas líquido desde Camisea, cruzando la zona norte de Ayacucho, hasta llegar a Pisco.

FUENTE: Dammert y Molinelli (2006) y http://bvpad.indeci.gob.pe/doc/estudios_CS/Region_Ayacucho/ayacucho/ayacucho.pdf

La extracción del DNA genómico de las papas nativas se realizó de las hojas apicales. Se utilizó el método CTAB de Doyle y Doyle (1990) modificado. La resuspensión del “pellet-DNA” con 75 μ L de solución T₁₀E₁, además de 1 a 2 μ L de ARNasa 10 ng/ μ L (libre de DNAsa) y se incubó a 37°C hasta el día siguiente; luego conservado a 4°C.

Se utilizó diez cebadores de SSR desarrollado por Ghislain *et al.* (2009) para el estudio de diversidad genética de papa; las amplificaciones de los microsatélites se realizaron según el protocolo estándar del Centro Internacional de la Papa (CIP) (Ghislain *et al.* 1997) y fueron visualizados mediante electroforesis con gel de acrilamida, utilizando el secuenciador LICOR 4300.

Con el objetivo de evaluar y cuantificar la diversidad genética entre las poblaciones de papa de la zona de muestreo, el análisis de los datos se centró en los resultados del set de marcadores SSR para la toma de huellas dactilares de ADN de las papas nativas (fingerprinting_DNA). Las bandas de amplificación de SSR fueron scoreadas en la matriz de datos, registrando la presencia de una banda de un alelo dado con el valor 1 y su ausencia con 0. Dado que las muestras de papa tienen diferentes niveles de ploidía no identificados, cada banda SSR amplificada se consideró un alelo y tratado como dominante. Las diferencias entre las poblaciones se visualizaron mediante el análisis de componentes principales (PCA) y el análisis de correspondencia (CA), con el paquete FactoMineR en software R versión 3.5 (Paradis *et al.* 2004).

Se calculó el número y el tamaño de los alelos y se cuantificó el índice de polimorfismo (PIC). El PIC de cada marcador SSR se calculó de acuerdo a Nei (1973): $PIC = 1 - \sum p_i^2$, donde p_i es la frecuencia alélica del i-th alelo de un determinado locus SSR. Para el análisis de diversidad genética de 144 papas nativas locales (PNL) la matriz de similitud se calculó utilizando el coeficiente de Dice, y se construyó un dendrograma utilizando el método de agrupamiento jerárquico UPGMA (unweighted pair group method with arithmetic mean), empleando el software NTSYSpc versión 2.3.0 (Rohlf 1988). La validación de la agrupación se realizó por correlación cofenética $r = ((\sum X_i Y_i - \sum X_i \sum Y_i) n^{-1}) (S_{X_i} S_{X_i})^{-1}$, donde X_i e Y_i son los valores de similitud o distancia de la matriz original y de la matriz cofenética, respectivamente. S_{X_i} y S_{X_i} son las desviaciones estándar para cada variable (Sokal y Rohlf 1995, de Vicente *et al.* 2004).

El análisis de la varianza molecular (AMOVA), basado en la matriz de disimilitud pareada, se llevó a cabo utilizando la versión 3.5 de Arlequin (Excoffier y Lischer 2010), lo que explica la variación en la estructura genética de los 144 PNL del norte de Ayacucho. La probabilidad de la interpolación de los resultados de los componentes de la varianza se determinó a través de 1.000 permutaciones aleatorias. Las relaciones genéticas se confirmaron con CA utilizando el software R versión 3.5 (Paradis *et al.* 2004). La distancia genética entre poblaciones (S_B), basada en el promedio de todas las comparaciones pareadas de alelos SSR, se calculó utilizando el software Arlequin versión 3.5. Tomando los valores de varianza (σ^2) obtenidos del AMOVA, el índice de fijación (F_{ST}) se calculó de acuerdo con $F_{ST} = \sigma_a^2 (\sigma^2)^{-1}$, donde σ_a^2 es la varianza entre poblaciones y σ^2 es la varianza total entre individuos (de Vicente *et al.* 2004). El valor F_{ST} mide el grado de diferenciación genética entre las tres poblaciones nativas de papa (Anco, Chungui y Ticllas) en función de las frecuencias alélicas SSR.

3.2. PARA EL FENOTIPADO DE PAPAS NATIVAS A *Phytophthora infestans*.

Las accesiones de papa nativa para el fenotipado, por su reacción a *Phytophthora infestans* como resistente o susceptible, fue proporcionado por el Centro Internacional de la Papa (CIP) y la Universidad Nacional San Cristóbal de Huamanga (UNSCH) (Tabla 1). El CIP proporcionó 10 accesiones del material genético pre-seleccionado por Pérez *et al.* (2014), conservado en el Banco de Germoplasma *In vitro* del CIP. La UNSCH, 10 PNL del norte de Ayacucho pre-seleccionado en condiciones de campo (Ayacucho, distrito de Acocro, lugar Carhuaschoque) y laboratorio por Quicaño (2017).

Veinte papas nativas pre-seleccionadas (Tabla 1) fueron micropropagadas en el laboratorio de cultivo de tejidos vegetales del Instituto de Biotecnología (IBT) de la Universidad Nacional Agraria la Molina (UNALM). Las plántulas se aclimataron y crecieron en invernaderos climatizados del CIP.

El inóculo de *Phytophthora infestans* fue obtenido del banco de cepas cryopreservadas del CIP. La inoculación se realizó con 3,000 esporangios/ml de la cepa POX-67, linaje clonal EC-1, aislado en Perú (Pérez *et al.* 2014). Esta cepa fué utilizada en estudios de expresión diferencial por Izarra y Lindqvist-Kreuze (2016).

Tabla 1: Accesiones de papa nativa utilizadas para el fenotipado por su respuesta a *Phytophthora infestans*. POX-67, proporcionados por el CIP y la UNSCH

Banco de Germoplasma CIP			Colección UNSCH		
Codigo CIP	Grupo Taxonómico	Nombre Común	Codigo	Grupo Taxonómico	Nombre Común
CIP 704270	<i>Solanum goniocalix</i>	Wira Pasña	a4	<i>Solanum chaucha</i>	Yuraqcarpas/Royaq Halle
CIP 703777	<i>Solanum goniocalix</i>	Sumaq Perqa	c6	<i>Solanum goniocalix</i>	Runtus/Amarilla
CIP 703745	<i>Solanum goniocalix</i>	Cantu papa	a14	<i>Solanum chaucha</i>	Yuraq Sisa
CIP 705476	<i>Solanum stenotonum</i>	Yana Cambru	t84	<i>Solanum stenotonum</i>	Qeqorani
CIP 703446	<i>Solanum stenotonum</i>	Yuraq Choqullo	t66	<i>Solanum chaucha</i>	Huayro hembra
CIP 703625	<i>Solanum stenotonum</i>	Amayllo	c8	<i>Solanum t. andigena</i>	Muru Tambina
CIP 704330	<i>Solanum stenotonum</i>	s/n	c49	<i>Solanum t. andigena</i>	Leona
CIP 701025	<i>Solanum phureja</i>	Ughpamanga	c17	<i>Solanum curtilobum</i>	Yuraq Chaska/Suytu
CIP 703506	<i>Solanum phureja</i>	Ibia Tosada	a20	<i>Solanum stenotonum</i>	Pucapucrus/Sangre de toro
CIP 703593	<i>Solanum phureja</i>	s/n	t89	<i>Solanum t. andigena</i>	s/n

Antes de la floración, las plantas de papas fueron inoculados mediante dos métodos: En placas de Petri usando foliolos y asperjando en planta entera.(Pérez *et al.* 2014; Chang-Kee 2016).

La selección de dos accesiones de *Solanum goniocalix* ($2n=2x=24$), una resistente y otra susceptible a *Phytophthora infestans*, cepa POX-67, se realizó observando la respuesta fenotípica foliar y la severidad de la infección cuantificada como área bajo la curva de progreso de la enfermedad (AUDPC, Area Under Disease Progress Curve), incluyendo a la variedad Yungay como control susceptible (Jiang *et al.* 2018; Pérez *et al.* 2014). Los cálculos del AUDPC se realizaron siguiendo las indicaciones de Forbes *et al.* (2014).

3.3. PARA LA CUANTIFICACIÓN DE GENES DIFERENCIALMENTE EXPRESADOS

El diseño experimental para identificar y cuantificar genes expresados diferencialmente, se muestra en la Tabla 2. Se utilizó tres clones de la accesión resistente y otras tres de la susceptible (Repeticiones I, II, y III). Las muestras de hojas fueron tomadas antes de inocular con *Phytophthora infestans*, registrándose como 00 horas post inoculación (hpi) y luego después de inoculado a 48 hpi.

Las seis muestras obtenidas de la accesión resistente fueron identificadas como R48A, R48B, R48C, R0D, R0E y R0F. Las seis muestras de la accesión susceptible fueron identificadas como S48G, S48H, S48I, S0J, S0K y S0L. Inmediatamente extraídas las muestras foliares fueron introducidas en nitrógeno líquido para su cryoconservación y traslado al laboratorio

Tabla 2: Distribución de las muestras biológicas de dos accesiones de *Solanum goniocalix*, resistente (R) y susceptible (S), a *P. infestans*. Las muestras de tejido foliar fueron tomados en dos momentos a 0 y 48 hpi, considerando tres repeticiones en cada uno.

<i>Solanum goniocalix</i> (Accesiones)	Tratamientos (hpi)	REPETICIÓN		
		I	II	III
(R)	Inoculado con <i>P. infestans</i> (48)	R48A	R48B	R48C
	Control, sin <i>P. infestans</i> (00)	R0D	R0E	R0F
(S)	Inoculado con <i>P. infestans</i> (48)	S48G	S48H	S48I
	Control, sin <i>P. infestans</i> (00)	S0J	S0K	S0L

(hpi), horas pos inoculación

3.3.1. EXTRACCIÓN Y SECUENCIAMIENTO DEL ARN

La extracción de ARN de las 12 muestras foliares de *Solanum goniocalix*, se realizó en los laboratorios de la Unidad de Genómica - LID de la Universidad Peruana Cayetano Heredia (UPCH). Se utilizaron muestras de hojas conservadas en cámara ultra fría (-80 °C) y el protocolo de extracción de (Espinoza 2017): Se inició con la trituración de 1-2 g de tejido foliar, utilizando nitrógeno líquido. Luego se empleó triReagent® (Sigma) (1ml/100g de tejido) y cloroformo (200ul/1ml de Tri®Reagent agregado) para así continuar con la serie de centrifugación bajo cadena de frío (4°C) y evitar la degradación del ARN. La precipitación del “pellet” se logró con isopropanol y el lavado con Etanol al 75%. Las muestras fueron tratadas con DNA-free™ Kit (Ambion, USA), para garantizar que se encuentren libre de ADN y tengan la calidad y cantidad óptima de ARN total.

3.3.2. SECUENCIAMIENTO DEL ARN

Se construyeron 12 librerías pariendo-end (PE) a partir de cDNA. El secuenciamiento se realizó en la plataforma Illumina Hi-Seq 2500, a través de Novogene Corporation Inc. (California, USA). Los resultados fueron remitidos en formato fastq, 12 archivos de lecturas en dirección 5' a 3' (forward) con índice 1, y otros 12 archivos de las lecturas en dirección 3' a 5' (reverse) con índice 2.

3.3.3. ANÁLISIS BIOINFORMÁTICO DE LAS SECUENCIAS

El análisis estadístico de las secuencias se realizó utilizando los siguientes programas bioinformáticos, que están listados en orden lógico de uso, basado en antecedentes de Gollery (2006) y Carreño (2017). Se utilizó los servidores y plataforma bioinformática (UPCH-UNSCH) instalado en la Unidad de Genómica LID-UPCH.

- a. **Calidad de las secuencias:** Las lecturas resultantes del secuenciamiento se archivaron en formato *.fastq, considerando que la calidad de secuenciamiento cada base nucleotídica se rige bajo un puntaje denominado “Phred Score”, que viene a ser la probabilidad de que una base sea incorrecta. Estos valores fueron interpretados por el programa bioinformático FastQC (Leggett *et al.* 2013) (<http://www.bioinformatics.babraham.ac.uk/projects/fastqc/>), generando gráficos y ventanas interactivas, para una mejor visualización e interpretación de la calidad de cada librería originadas del secuenciamiento. Se consideró bases nucleotídicas

- fiables a las bases con valor de calidad $Q \geq 33$. Este criterio se basa en el límite propuesto por el programa FastQC para las bases nucleotídicas de buena calidad, (ubicados entre $Q=28$ y $Q=40$), valor numérico que está relacionado con adecuada extracción de ARN y secuenciamiento.
- b. **Limpieza de las secuencias.** Se cortó los adaptadores de Illumina empleando Trimmomatic (Bolger *et al.* 2014) (https://github.com/kbaseapps/kb_trimmomatic). Los argumentos para la limpieza fueron `-treads 6, phred 33, *Illumina_adapters.fa:2:30:10, SLIDINGWINDOWS 5:20 y MINLEN 145`.
 - c. **Mapeo genómico.** Para el mapeo genómico se empleó, como genoma de referencia, la última versión de las secuencias ensambladas del genoma de la papa, datos generados por “Potato Genome Sequencing Consortium” (PGSC) (Xu *et al.* 2011). Previa ejecución del programa STAR (Dobin y Gingeras 2015) que generó archivos índices acelerando el alineamiento de las secuencias al genoma de referencia. Los argumentos para el alineamiento fueron: `java -jar -runMode, genomeGenerate, --genomeDir, --genomeFastaFiles, --sjdbGTFfile, --sjdbOverhang 99`. STAR creó archivos de alineamiento en formato `*.sam` (aligned.out.sam) para cada biblioteca.
 - d. **Manipulación de archivos de alineamiento SAM/BAM.** Debido a que los archivos con extensión `*.sam` son extensos, estos son convertidos con el programa SAMtools (Li *et al.* 2009) (<http://htslib.org/> for the new 1.x). Usando comandos `Samtools_view` y los argumentos `-b, -o, BAM -@6`, los archivos `*.sam` fueron convertidos a formato menos extenso de tipo binario `*.bam`; con `Samtools_sort` fueron ordenados y con `Samtools_index` fueron indexados para obtener archivos `*sorted.bam.bai` para cada librería.
 - e. **Cuantificación de transcritos.** Utilizando el software SUBREAD, “featureCounts” cuantificó los transcritos generados de cada librería, en un transcriptoma unificado. Para ello se usaron los argumentos `-t exon, -g gene_id, -T6, -a, -o, *.sorted.bam`. Las carpetas generadas del análisis con “featureCounts” se agruparon en un archivo de formato `.txt` (`*counts.txt`), al cual denominamos “Tabla de Conteo de Genes”.

“featureCounts” cuantificó los niveles de expresión de los genes entre los tratamientos. Los niveles de expresión de los genes normalizados fueron comparados con valores de Conteos por Millon (CPM) derivados del STAR entre las dos accesiones de papa *Solanum goniocalix* resistente y susceptible.

f. **Análisis de expresión diferencial de genes.** La identificación y cuantificación diferencial de genes de *Solanum goniocalix* en respuesta al ataque de *Phytophthora infestans* se realizó utilizando la tabla de conteo con el software Rstudio. Se utilizó los comandos de los paquetes “edgeR” que permite hacer filtrados, eliminación y normalización de los genes diferencialmente expresados; “complexHeatmap” y “ggplot2” permiten hacer los gráficos tipo smear, volcano plot y heatmap, El análisis de selección de genes candidatos para resistencia a *Phytophthora infestans* se estableció basados en los criterios de:

- $p\text{Value} \leq 0.0001$: probabilidad de significancia de los valores CPM de los genes que reportan cambios a nivel de su expresión de manera altamente significativa.
- Log2 Fold Change (Log2FC): Comparación de la expresión génica, con $\text{Log2FC} \geq 2$, up-expressed y con $\text{Log2FC} \leq -2$, down-expressed entre individuos de fenotipos contrastantes (resistente y susceptible).
- $\text{FDR} < 0.001$: Probabilidad de significancia corregida, con el método de Benjamini-Hochberg, altamente significativa de descubrir lecturas falso positivos.

g. Se utilizó el Software Venny 2.1 (Oliveros 2016), para graficar los conjuntos de genes expresados en cada accesión, tratamiento y conjunto intersección de genes que comparten ambas accesiones, en diagrama de Venn Euler.

h. La evaluación de la significancia estadística del análisis de enriquecimiento GO (Gene Ontology) y la significancia del enriquecimiento de los genes expresados diferencialmente (DEGs) en rutas metabólicas KEGG (Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes) se realizó con el software g:Profiler (Raudvere *et al.* 2019), utilizando

la base de datos de *Solanum tuberosum* PGSC_GENE. Se consideró significativo con valor p ajustado (P_{adj}) < 0.05 .

El flujo de las principales etapas y actividades realizadas desde la colecta del germoplasma de papa nativa hasta la identificación de genes candidatos en *Solanum goniocalix* para la resistencia a *Phytophthora infestans* se observa en la Figura 2.

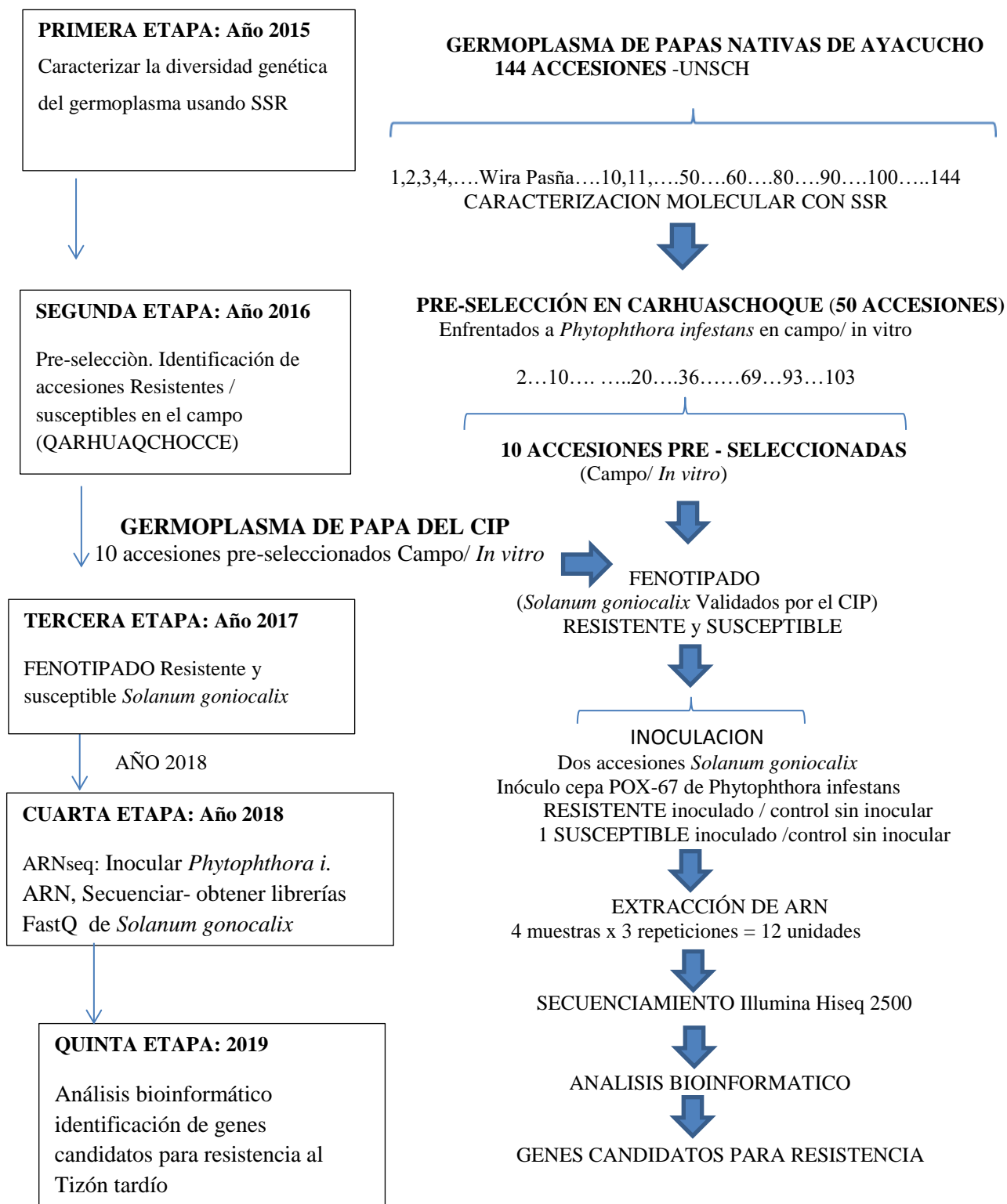


Figura 2: Esquema general del flujo de las principales etapas y actividades realizadas para lograr los objetivos específicos.

IV. RESULTADOS Y DISCUSIÓN

4.1. VARIABILIDAD GENÉTICA DE 144 PAPAS NATIVAS LOCALES (PNL) DE LA ZONA NORTE DE AYACUCHO

4.1.1. POLIMORFISMO DE LOS MARCADORES MOLECULARES

En los tres sitios de muestreo (A, C y T) se distinguieron 67 alelos SSR diferentes, de los cuales 65 fueron polimórficos y dos monomórficos. Todos los cebadores utilizados generaron bandas bien definidas. La Figura 3 muestra la imagen y el polimorfismo de las bandas revelado con el primer STG0016. La evaluación del polimorfismo de los marcadores SSR en las PNL del norte de Ayacucho permitió identificar a la papa Ruyru Mendez (c7) mostrando el mayor número de alelos SSR polimórficos (26 alelos), y con el menor número (8 alelos), a Tara Gallu (a18) y Huayro Puca (t66). También, se detectó entre 3 a 9 alelos por locus SSR (Tabla 3). En contraste, Kuroda *et al.* (2009) encontraron entre 5 y 28 alelos por locus en soya usando 20 loci SSR. Tiwari *et al.* (2013) caracterizaron la colección de papa *andigena* de 77 genotipos, en la India, usando 24 SSRs, encontrando entre 6 a 14 alelos por locus SSR.

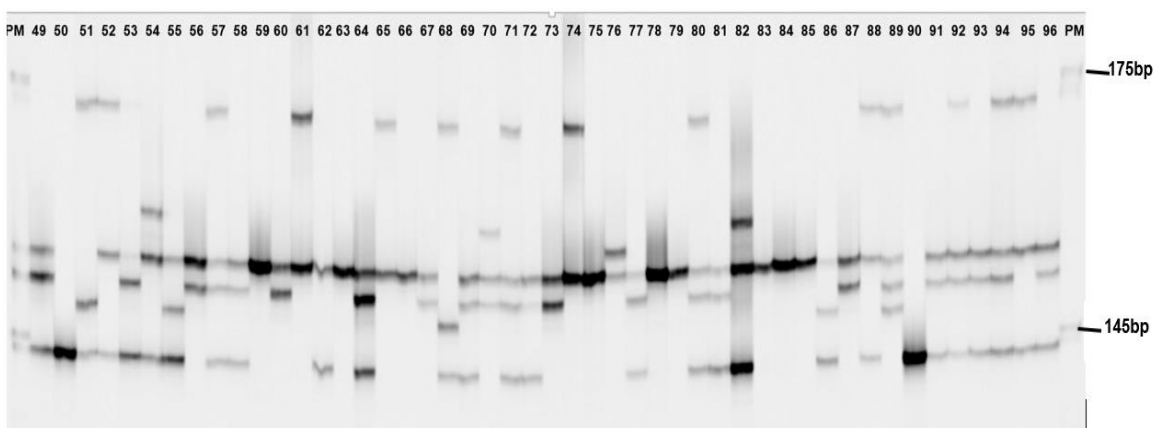


Figura 3: Genotipado (ADN fingerprinting) de 48 muestras de papa nativa de la zona norte de Ayacucho (Zona T) con primer SSR STG0016 (dye 800, gel de acrilamida LI-COR 4300). Carriles extremo derecha e izquierda corresponden al marcador de peso molecular (PM)

El PIC promedio de los 10 SSR fue de 0.7410. El PIC más bajo (0.2655) lo presentó STI0033 y el PIC más alto (0.8386) fue de STM 5127 (Tabla 3). Los SSR con valores bajos de PIC (STI0033 y STG0025) también presentaron menor número de bandas polimórficas.

En el presente estudio, al utilizar 10 marcadores SSR, se encontró valores PIC que fluctuaron entre 0.2655 a 0.8386,; mientras Cadima *et al.* (2013) reportaron PIC entre 0.40 y 0.74 para los marcadores STI0033 y STG0016, respectivamente; utilizando 22 SSR en 1,474 accesiones de papa de la colección de germoplasma boliviano. El polimorfismo del marcador STI0033 fue menor en ambos estudios.

Tabla 3: Número de alelos e índice del contenido polimórfico (PIC) de 10 microsatélites (SSRs) en 144 papas nativas locales (PNL) del norte de Ayacucho, Perú.

SSR *	Grupo de Ligamiento	Nº Alelos	Tamaño de fragmento (bp) observado	Set de alelos detectados (Tamaño de fragmento : bp)	Nº Alelos Poli-mórficos	PIC
STI0012	IV	8	182 – 208	182,185, 187, 191, 200, 202, 204, 208	8	0.7628
STI0033	VII	3	135–145	135, 140, 145	2	0.2655
STM5127	I	9	258–285	258, 263, 265, 266, 268, 270, 276, 279, 285	9	0.8386
STG0016	I	8	137–170	137,140, 146,150, 154, 158, 161, 170	8	0.7577
STPoAc58	V	8	238 –258	238,240,242,245, 250, 253, 255,258	8	0.7433
STM5121	XII	4	300–309	300, 303, 306, 309	4	0.6499
STI0004	VI	7	83 –129	83, 88, 94, 100, 115, 125, 129	7	0.6514
STM0031	VII	8	178–211	178,183, 191, 194, 197, 202, 204, 211	8	0.6902
STI0003	VIII	9	142–180	142, 144, 153, 161, 163, 165, 168, 173, 180	9	0.7566
STG0025	X	3	208 –220	208, 210, 220	2	0.5535

* Para información sobre los Primers y sus características ver Ghislain *et al.* (2009).

Coincidentemente, Cadima *et al.* (2013) utilizaron algunos de los mismos marcadores que nosotros, incluyendo STI0033, STG0016, STPoAc58 y STM0031. Otros investigadores, como Tiwari *et al.* (2013), también utilizaron el kit de cebadores PGI desarrollado por Ghislain *et al.* (2009). En el estudio actual encontramos valores altos de PIC en el rango de 0.613 (STM0037) a 0.896 (STI0014). Monte *et al.* (2018) obtuvieron un PIC máximo de 0.87 (STI0023). Côté *et al.* (2013) también utilizaron tres iniciadores SSR, multiplex, para diferenciar con éxito entre variedades de papa en la Agencia Canadiense de Inspección de Alimentos. Duan *et al.* (2019) caracterizaron 217 variedades de papa de programas chinos

de mejoramiento de papa, usando 20 marcadores SSR con valores de PIC de 0.64 a 0.93, y basados en el PIC seleccionaron 11 SSR que reproducen con claridad las bandas amplificadas con tamaños de fragmentos entre 80 a 380 pb. Estos genotipados y los análisis de diversidad genética, brindan información útil para la protección de la propiedad intelectual, así como para la exploración y utilización de variedades de papa generadas en China.

4.1.2. ALELOS SSR ÚNICOS

Cada uno de los 10 SSRs amplificaron al menos un alelo único en las tres poblaciones de papa nativa muestreada (Tabla 4). El mayor número de alelos únicos fueron amplificados por los SSRs STI0012 y STM0003, con cuatro alelos exclusivos cada uno, mientras que STI0023, STM5121 y STG0016 amplificaron solo un alelo único cada uno.

Como se observa en la Tabla 4, resultaron cinco PNL de la zona A con alelos únicos, destacando la PNL Ccabillas con tres alelos únicos y las denominadas Huantina y Linhuas con dos alelos únicos cada uno. En la zona C fueron tres PNL con alelos únicos, destacando Yana Waña como la entrada con dos alelos únicos. En tanto que en la zona T fueron cuatro PNL, cada uno de ellos, con un alelo único.

El número de alelos únicos en cada zona de muestreo fue diferente. En la zona A fueron 10 alelos únicos en 6 PNL, mientras en la zona C fueron 4 alelos únicos en 3 PNL y 4 alelos únicos en la zona T en 4 PNL.

Los marcadores morfológicos y bioquímicos tienen muchas desventajas como marcadores adecuados para la identificación de cultivares por su sujeción a la influencia ambiental y epistática, mientras que los marcadores moleculares de ADN no son afectados por dichos factores. Los marcadores moleculares de ADN se pueden utilizar para identificar variedades individuales y, por lo tanto, convertirse en un sistema idóneo para identificar líneas parentales, variedades locales y parientes silvestres, junto con nuevas variedades que conforman el conjunto del germoplasma (Archak 2000).

Tabla 4: Relación de alelos únicos detectados con marcadores de secuencia simple repetida en cada lugar de muestreo: Anco (A), Chungui (C) y Ticllas (T)

Código	Nombre	Alelos únicos	pb	Nº alelos	Nº Alelos (Distrito)
a55	LINHUAS	(STI0012-c) y (STI0012-d)	200 y 202	2	
a6	CCABILLAS	(STI0012-e) , (STI0033-a)* y (STI0004-f)	191, 145 y 88	3	
a35	WINKICHA	STI0012-g	185	1	10 (A)
a12	HUANTINA	(STM5127-e) y (STI0004-a)	266 y 129	2	
a15	ULPA	STPoAc58-a	255	1	
a21	CHILI	STPoAc58-e*	245	1	
c10	YANA WAÑA	ΓG0016-h)* y (STM5121-a)	137 y 310	2	
c38	RUYRU MARIBA	STM0031-c	194	1	4 (C)
c39	PUCA AVILLAS	STI0003-b	165	1	
t80	HUACRILLO PUKAMILLCCO	STM5127-a1*	285	1	
t76	PUTIS	STG0016-c	158	1	4 (T)
t79	WAYRU MACHO	STI0003-f	144	1	
t78	CUCHIPA ACAN	STI0003-g*	142	1	

Los agricultores utilizan marcadores morfológicos para nombrar los cvs de papas nativas; Sin embargo, este sistema no es del todo seguro debido a variaciones ambientales y/o genéticas. Los SSR utilizados en nuestro estudio revelaron que algunas de las papas nativas con el mismo nombre, a pesar de ser recolectadas en diferentes lugares, podrían mostrar diferente DNA_fingerprinting: este es el caso de Azucena colectado en Anco (a28) con Azucena colectado en Chungui (c35), genéticamente diferentes, a pesar de recibir el mismo nombre. Del mismo modo, Bomba de Anco (a22) con la de Chungui (c42), Duraznillo de Chungui (c1) con la de Anco (a23)), Ritipa Sisan de Chungui (c27) con la de Ticllas (t74) y Yuraq Chasca ambos de Chungui (c17 y c42). Además, el poder discriminante de estos SSR reveló accesiones con diferentes nombres que sin embargo tienen los mismos DNA_fingerprinting. Este es el caso de tres PNL Yana Llipucha (a29), Chunguina o Yana (a38) con Llipucha (a31) y de otras dos, Paula (a30) con Ccakas (a34).

Es relevante el rol que desempeñan los agricultores en el manejo de las papas nativas, son los principales conservadores del germoplasma en sus respectivas cuencas hidrográficas, generando mayor diversidad, haciendo selección y mejoramiento bajo el concepto de su cultura ancestral, economía y religiosidad andina aun viva en la región de Ayacucho, Perú.

4.1.3. ANÁLISIS DE COMPONENTES PRINCIPALES DE PNL

El resultado del análisis de componentes principales (PCA) de 144 accesiones de papas nativas nos muestra que el primer componente principal (eje DIM1) agrupa el 42.06% de la variabilidad, y el segundo componente principal (eje DIM2), el 13.69% de la variabilidad. Por tanto, el plano formado por dichos ejes nos muestra la proyección de la ubicación de las coordenadas de las 144 accesiones considerando el 55.75 % de la variación acumulada. Las PNL se agruparon en tres grupos definidos, alejándose del centro. El grupo de papas nativas de la población Anco (A) se agrupan hacia el lado izquierdo del plano, en tanto que las papas de la población de Chungui (C) en mayoría están ubicadas en el cuadrante superior derecho, mientras que las de la población Ticllas (T) se agrupan en el cuadrante inferior de la derecha. Algunas papas resultaron fuera de grupo como t59 (Diacol Capiro), c52 (Beso de Novia), c51 (Blanca Maria) y c17 (Yuraq Chaska).

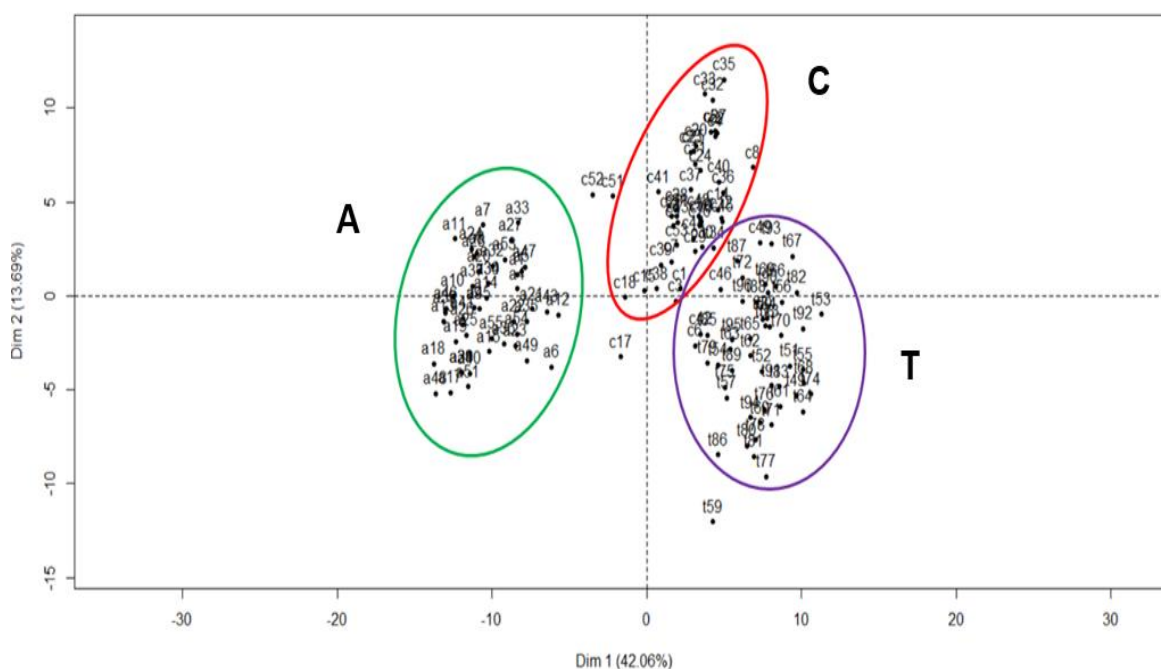


Figura 4: Análisis de componentes principales (PCA) de 144 papas nativas locales (PNL) de San José de Ticllas (T), Anco (A) y Chungui (C) en la zona norte de Ayacucho, Perú. Las líneas circulares indican la tendencia de agrupación de la PNL. El control accesión t59, híbrido de origen colombiano, está fuera de los grupos.

El estudio del PCA muestra una tendencia geográfica para la diferenciación genética de los NPL analizados, debido a que todos los NPL se agruparon en relación con la localidad de la cual fueron muestreados (Figura 4 y 5). Sukhotu *et al.* (2005), Pissard *et al.* (2008) y Kolech

et al. (2016) reportaron resultados similares en *S. tuberosum* ssp. *Andigena* (Juz. Y Bukasov) Hawkes. Los resultados de este estudio respaldan la hipótesis que las fuerzas de selección se aplican de manera uniforme en los Andes peruanos y que la reproducción sexual, la mutación y la deriva genética pudieron haber jugado un papel en la diferenciación genética de las especies de acuerdo con las regiones geográficas y las cuencas hidrográficas en la región andina.

Como se observa en el PCA, Diacol Capiro (59t) está posicionado distante del resto de la PNL en el PCA; hace de control externo (out-group) para el agrupamiento (Figura 4). Esta es una variedad mejorada, originada en Colombia, a través de cruzamientos entre Tuquerreña (CCC 61) con la Línea 1967(C)(9)(CCC751) en el Instituto Colombiano de Agricultura (Andrade-Piedra y Torres 2011). El otro control, Yungay (t82), una variedad mejorada peruana, se localiza dentro de la población T. Ambos controles validan la metodología del análisis.

Debido a las coordenadas de ubicación de los genotipos en el plano del PCA (Fig. 4), las papas de la población C probablemente son las que más se diferencian genéticamente respecto de las poblaciones A y T. Las PNL c35, c33, c8, c32 y c67 se ubicaron en el extremo superior derecho y a48, a17 y a18 en la parte inferior izquierda del gráfico del PCA, al igual que los grupos externos c52, c51 y c17, lo que sugiere que podrían ser genotipos únicos con mayor contribución a la diversidad genética ($p \leq 0.05$). Resultados similares fueron encontrados por Sharma y Nandineni (2014) quienes identificaron 40 variedades de papa diferenciadas en el Instituto Central de Investigación de la Papa (CPRI) en India. Del mismo modo, Maras *et al.* (2017) identificaron cuatro perfiles únicos al evaluar una colección de 52 accesiones utilizando 12 marcadores SSR.

Los resultados de PCA indican que las poblaciones A, C y T son poblaciones cerradas, con genotipos específicos en cada zona de muestreo, que tienen muy poco flujo de genes entre ellos. La agrupación de la diversidad genética de los 144 PNL está altamente correlacionada con su adaptabilidad a ciertos nichos ecológicos y/o cuencas en su centro de origen. Esto probablemente se debe a su modo clonal de multiplicación, la presencia de barreras geográficas, las montañas que delimitan las cuencas hidrográficas, y las barreras culturales intrínsecas que separan a cada población de Anco, Ticllas y Chungui. Soto *et al.* (2014)

analizaron el grado de diversidad genética de una muestra aleatoria de 79 variedades de papa nativas nominales (*Solanum spp.*) de cinco regiones políticas del Perú (Ayacucho, Cajamarca, Cuzco, Huancavelica y Puno) usando 18 marcadores SSR y encontraron una relación directa entre la forma de agrupación y los sitios de recolección.

4.1.4. ANÁLISIS DEL AGRUPAMIENTO MOLECULAR DE PNL

Mediante el agrupamiento UPGMA, en base a la matriz de distancia de Dice, las 144 accesiones de papa nativa forman dos grupos primarios a nivel de un coeficiente similitud de Dice de 0.45 (Figura 5, recuadro superior izquierda). El primer grupo contiene solo PNL de la población A, y el segundo grupo PNL de las poblaciones C y T. Sin embargo, cuando el punto de corte es al nivel de un coeficiente de similitud de 0.495, se forman tres grupos secundarios de diversidad, que corresponden a poblaciones A, C y T. El resultado del análisis cofenético ($r = 0.70$; $pvalue < 0.01$) indica buena correlación de similaridad con la matriz original. La alta correlación cofenética valida el uso de los métodos de agrupamiento (Anexo 2)

El grupo secundario (A), con 47 accesiones de papa nativa de la población Anco (A) poseen alelos SSR en el rango de 8 a 21 (Tabla 1). En el punto de corte 0.69 de coeficiente de similaridad, reportó 14 grupos terciarios, de los cuales 3 grupos están formados por PNL únicas (a55, a21 y a40). El análisis detectó que en esta agrupación secundaria existen dos grupos terciarios formados por duplicados, que tienen diferente identificación, pero genéticamente son similares con marcadores SSR (coeficiente de similaridad = 1.0): El primer grupo de duplicados está formado por las PNL a29, a38 y a3; el segundo grupo, por a30 y a34. El grupo secundario C está conformado por 49 PNL, de los cuales 47 son de Chungui (C) que poseen alelos SSR en el rango de 9 a 26 (Tabla 1), además de las PNL de Anco y Ticllas, a6 y t87, respectivamente. En el punto de corte al nivel de un coeficiente de similaridad de 0.69 forman 19 grupos terciarios, de los cuales 6 grupos están conformados por accesiones únicas (a6, c39, c1, c48, c17 y c42). El grupo secundario T, que poseen alelos SSR en el rango de 8 a 22 (Tabla 1), agrupa a 48 PNL; de ellos, 47 corresponden a Ticllas (T) y una PNL a Chungui (c46). Se formaron 18 grupos terciarios en el punto de corte con un coeficiente de similaridad de 0.69, de los cuales 5 grupos terciarios están formados por PNL únicas (c46, t54, t77, t89 y t59).

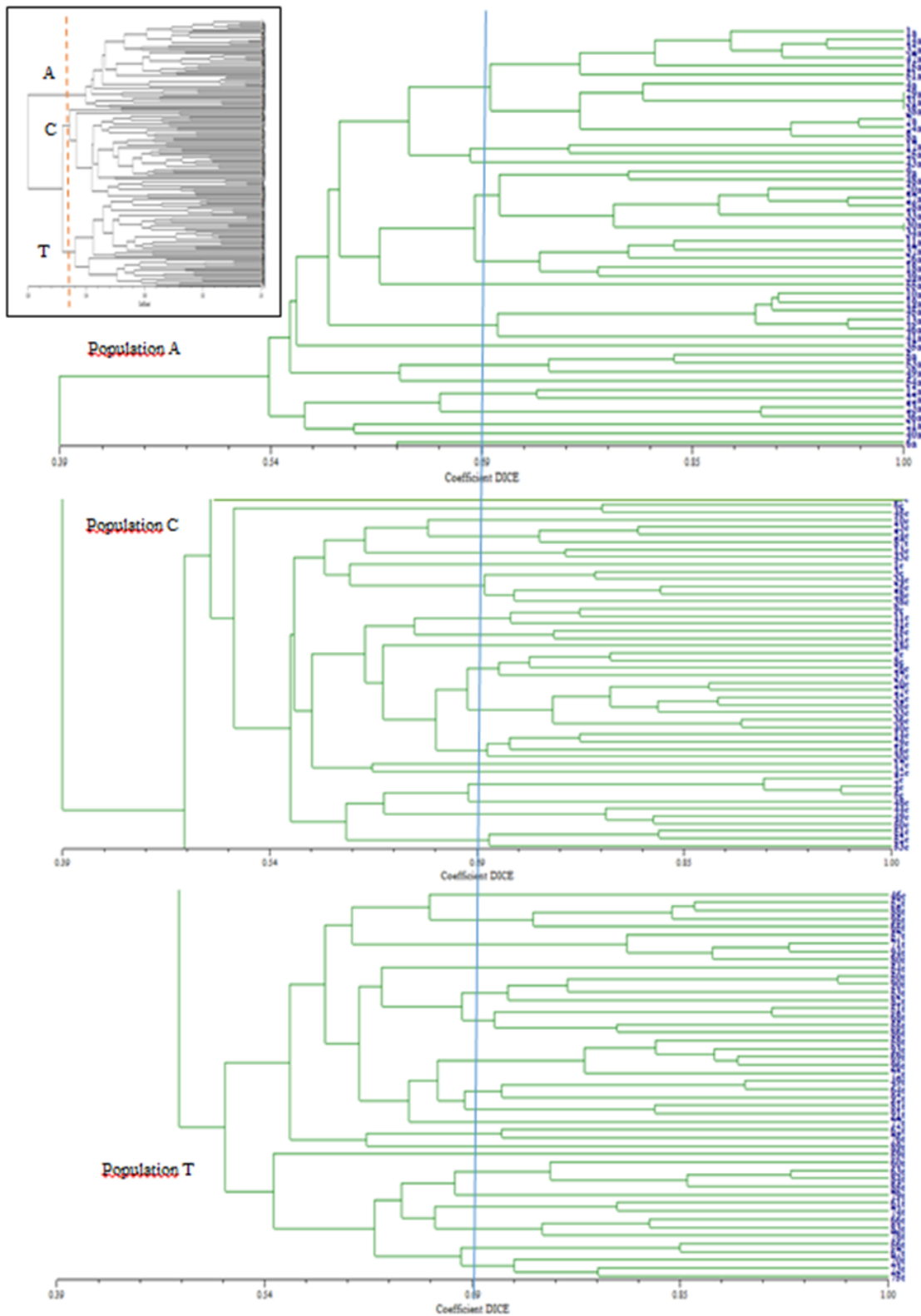


Figura 5: Análisis de conglomerado UPGMA (unweighted pair-group method analyses). El recuadro superior izquierda revela tres grupos de clusters secundarios (A, C and T). En el recuadro amplificado, la línea vertical revela la formación de grupos terciarios con 144 PNL de los distritos de San José de Ticllas (T), Anco (A) y Chungui (C), del norte de Ayacucho, Perú, usando 67 alelos de 10 loci SSR.

La validación del agrupamiento puede ser realizado de dos formas: Validación externa, cuando comparamos la matriz de distancia con otra información que no ha sido usada en los cálculos de agrupamiento. La segunda, validación interna, cuando se cuantifica la distorsión debido al método de agrupamiento usado, una nueva matriz de similaridad o distancia, la matriz cofenética, se crea directamente a partir del mismo dendograma. La validación es calculada por la media de una matriz de correlación; finalmente se evalúa si las matrices originales son conservadas (Sokal y Rohlf 1995). El bootstrap y el análisis de correlación cofenética son dos métodos independientes para la validación del agrupamiento (de Vicente *et al.* 2004). La validación de este agrupamiento con el análisis cofenético ($r=0.70$) indica que el método UPGMA no ha generado distorsión significativa de la matriz de distancia original.

Para optimizar sus recursos en muchos bancos de germoplasma se establecen colecciones núcleo debido al alto costo que significa la conservación clonal *ex situ* (De Haan *et al.* 2013). Se podría establecer la colección núcleo usando los genotipos representativos de la diversidad genética en base a los resultados del agrupamiento UPGMA (coeficiente de similitud de Dice, 0.69) y el PCA (55.75 % de la variación acumulada), con 52 accesiones (14 de la población Anco, 19 de Chungui y 19 de Ticllas) que representarían la diversidad de las 144 accesiones. Anoumaa *et al.* (2017) evaluaron 138 accesiones de papa en la region montañosa de Camerún, usando 12 SSRs (PIC promedio, 0.74), y estableció una colección núcleo con 27 individuos (19.57% de la colección total), y de esa manera conservó el 99.15 % del total de alelos.

Una forma de evaluar la riqueza genética de una población es la identificación de alelos y genotipos únicos. La identificación de PNL (Ccabillas, Chili, Yana Waña, Huacrillo and Cuchipa Acan), portadores de alelos SSR únicos en el norte de Ayacucho (Tabla 4), además de 14 genotipos únicos de PNL (3 en la población de Anco, 6 en Chungui y 5 en Ticllas) (Figura 5), constituye una muestra de la riqueza genética local. Esta base genética podría ser usada para la implementación del programa de mejoramiento genético de papa en la región, buscando genes que confieran resistencia a factores limitantes bióticos y abióticos de la region de Ayacucho, como *Phytophthora infestans*, *Globodera pallida*, virus del enrollamiento foliar (PLRV), sequía, calor y fructuaciones de frio (heladas), relacionados con los cambios globales del clima.

Perú es el principal centro de origen y domesticación de la papa, y las poblaciones silvestres en Perú contienen una gran diversidad genética (Ochoa 1999), y muchas variedades autóctonas que se han adaptado durante mucho tiempo al medio ambiente local y a los sistemas agrícolas (Zeven 1998). Ayacucho se encuentra en la sierra central del Perú; comprende una altitud de 1.100 a 4.500 m.s.n.m., e incluye diversos ecosistemas con poblaciones de papas endémicas. Estas diversas condiciones ecológicas favorecen una gran diversidad morfológica entre las poblaciones de papa, lo que se refleja en la amplia gama de diversos nombres locales en quechua, español y quechua-español. Una misma variedad local de papa se puede conocer con diferentes nombres, mientras que, en otras ocasiones, se conocen diferentes variedades locales con el mismo nombre, lo que genera confusión y error en los registros de germoplasma. Otro problema actual es que la mayoría de los bancos de germoplasma de papa están limitados al verdadero almacenamiento de semillas (Boada *et al.* 2010, Elsayed *et al.* 2011); en consecuencia, es necesario explorar la diversidad y la variación genética de la papa adaptada a los diferentes nichos ecológicos del Perú para proporcionar criterios valiosos para apuntalar la conservación del material genético. Esto es particularmente importante en la región de América Latina, donde existen factores bióticos y abióticos que limitan el rendimiento como resultado de los cambios climatológicos recurrentes causados por el fenómeno climático de El Niño (Vargas 2009).

4.1.5. ANÁLISIS MOLECULAR DE LA VARIANCI A GENÉTICA

El resultado de la evaluación de la varianza genética de 144 accesiones de papa nativa agrupado en dos niveles jerárquicos, entre poblaciones (A, C y T) y dentro de poblaciones se presenta en la Tabla 5 (recuadro A). El análisis molecular de varianza (AMOVA) resultó significativo en ambos niveles, cuya significancia fue validado con 1000 permutaciones ($p < 0.001$), confirmando que las diferencias son altamente significativas entre y dentro de las poblaciones de las PNL del norte de Ayacucho. El 27.92 % de la diversidad alélica de los SSR está distribuida entre poblaciones A, C y T; mientras que el 72 % está distribuido dentro de las poblaciones. El índice de fijación F_{ST} promedio global fue de 0.279, mientras que el índice de fijación (F_{ST}) para cada una de las poblaciones A, C y T resultó 0.28098, 0.27715 y 0.27939, respectivamente.

Tabla 5: Análisis molecular de la variancia (AMOVA) general entre poblaciones A vs. C vs. T de PNL del norte de Ayacucho, Perú. El resultado presentado en el recuadro A es de la comparación entre poblaciones A, C y T. En el recuadro B, de la comparación entre grupos A vs (C y T)

A	Fuente	gl	S.C.	Comp σ	I.F.	Variación %
	Entre Poblaciones (A) vs (C) vs (T)	2	259.92	2.57	0.28	27.92
	Dentro de Poblaciones	141	935.37	6.63		72.08
	Total	143	1195.29	9.2		100

B	Fuente	gl	S.C.	Comp σ	I.F.	Variación %
	Entre Grupos (A) vs (C,T)	1	174.32	1.39	0.14	14.34
	Entre Poblaciones/Grupos	1	85.59	1.64		17.02
	Dentro de Poblaciones	141	935.37	6.63		68.64
	Total	143	1195.29	9.2		100

gl, grados de libertad; S.C. suma de cuadrados; Comp σ , Componentes de variancia; I.F., Índice de Fijación. Población de San José de Ticllas (T), Anco (A) y Chungui (C) Ayacucho, Perú.

Adicionalmente, debido a que las poblaciones C y T tienen el mismo nudo en el dendrograma y la población A presentó agrupación diferenciada significativa en el PCA, se realizó el AMOVA asumiendo dos agrupaciones. El primer grupo, la población A y el resto de poblaciones (C-T) como segundo grupo (Tabla 5, B). El resultado muestra que el 14.34 % de la variación alélica está distribuido entre los grupos, el 17.02 % dentro de grupos y la mayor variación alélica se debe a los individuos dentro de las poblaciones (68.64%). En este análisis, el índice de fijación (F_{ST}) entre los dos grupos fue de 0.143 ($p < 0.001$).

El resultado AMOVA indica que la mayor variación genética (72.23 %) ocurre dentro de cada población A, C y T. Resultado similar fue reportado por Anoumaa *et al.* (2017) quienes usaron 138 accesiones de papa colectado *on-farm* de 13 localidades montañosas en el oeste de Camerún. El AMOVA reveló que mucha de la variación genética (>90%) fue dentro de regiones geográficas. Tiwari *et al.* (2013) analizaron el AMOVA de una colección núcleo conformado por 77 accesiones de papa *andigena* del CPRSI (Central Potato Research Station India) y encontró que el 7% de la variación alélica de SSR fue distribuido entre países (Perú, Colombia, Bolivia, Argentina y Chile), mientras que el 92.67 % fue distribuido dentro de países. Haynes *et al.* (2017) usaron 24 marcadores SSR de Ghislain *et al.* (2009) para distinguir accesiones de *Solanum chacoense*, el AMOVA les reveló una variancia genética de 31.4% entre accesiones, 22.1 % entre genotipos dentro de accesiones y 46.5% dentro de

genotipos. Ispizúa *et al.* (2007) reportaron el AMOVA de 155 accesiones de papa con cuatro SSRs, revelando que mucha de la variación genética ocurrió entre sitios dentro de distritos y entre genotipos locales.

Según de Vicente *et al.* (2004) un F_{ST} mayor de 0.25 está relacionado con alta diversidad genética, y bajos valores de F_{ST} se presenta cuando las poblaciones que se comparan comparten muchos alelos entre si (De Haan *et al.* 2013). En el presente estudio el valor promedio de F_{ST} es 0.279, confirma que la variación molecular y la diversidad genética entre las tres poblaciones Anco, Chungui y Ticllas es muy alta. Consecuentemente, si un alelo es tomado al azar en cada población, la probabilidad de que los tres alelos sean diferentes es alto. De forma similar, Bali *et al.* (2018) reportaron alto F_{ST} (= 0.270) cuando evaluaron 264 clones de papa colectados a partir de siete programas de mejoramiento de papa en los Estados Unidos. En contraste, Roca (2015) después de evaluar la diversidad genética de 444 accesiones papa de siete comunidades en tres provincias de Junín (Perú), obtuvieron un bajo F_{ST} (0.019), indicando que las estructuras genéticas de las poblaciones no estaban diferenciadas entre las comunidades. Juyó (2012), en 146 papas nativas diploides (*S. phureja*), con 43 SSR, encontró F_{ST} muy bajo (0.089), pero alto coeficiente de endogamia ($F_{IT}=0.98$) entre cinco poblaciones diploides, debido a que incluyeron poblaciones de papas diploides mejoradas producto de cruzamientos. Cuando De Haan *et al.* (2013) comparó el germoplasma de papa de Huancavelica entre poblaciones de *in situ* con *ex situ*, encontraron un bajo F_{ST} de 0.012, indicando que las dos poblaciones no presentaban buena diferenciación. La muestra del germoplasma del norte de Ayacucho (144 accesiones) está conformada por papas con diferentes niveles de ploidía, el cual incrementa el índice de diversidad genética (F_{ST}) entre y dentro de las tres poblaciones evaluadas. Monteros-Altamirano *et al.* (2017), cuando compararon la distribución de la diversidad genética entre niveles de ploidía 2x, 3x y 4x de 154 accesiones de papas del Ecuador, obtuvieron un F_{ST} of 0.157, demostrando alta significación entre las diferentes ploidías. Resultados semejantes obtuvo Erazzú *et al.* (2009) con papa 2x y 4x.

4.1.6. ANÁLISIS DE CORRESPONDENCIA DE POBLACIONES

El análisis CA entre los 144 NPL muestra la correspondencia de las PNL en tres grupos poblacionales ubicados en el diagrama de matriz de referencia (Figura 6), indicando claramente las diferencias genéticas entre las poblaciones Anco, Chungui y Ticllas (Sitios

de muestreo A, C y T), tanto como la relación de correspondencia alélica entre PNL en cada población. Como consecuencia, resultaron cinco PNL sin agruparse de la población A (a6, a12, a17, a28 and a55), tres de la población C (c51, c52 y c42) y uno de la población T (t78).

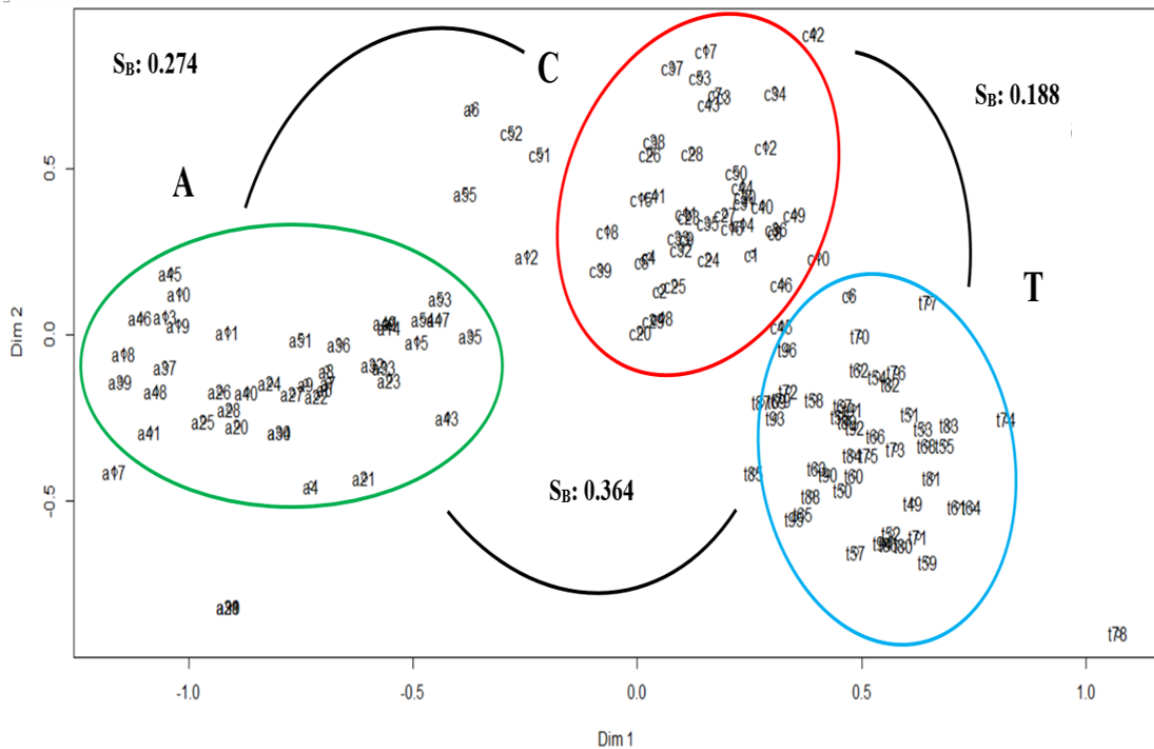


Figura 6: Análisis de correspondencia en las relaciones genéticas intra- e inter-poblacional entre PNL de Ancco (A), Chungui (C) y Tiellas (T) del norte de Ayacucho, Perú. S_B = distancia genética.

El índice de distancia genética (S_B) cuantifica la distancia genética entre dos poblaciones utilizando las frecuencias alélicas. El índice S_B entre poblaciones Ancco-Chungui y entre Ancco-Tiellas fueron de 0.274 y 0.364, valores altos respectivamente; sin embargo, entre Chungui-Tiellas fue menor (0.188). El S_B entre cada par de poblaciones y el CA de 144 PNL del norte de Ayacucho confirman que las poblaciones son cerradas, bien estructuradas y presentan estructura poblacional diferenciada en Ancco, Chungui y Tiellas. Probablemente las cuencas hidrográficas (Ancco y Chungui en la cuenca del VRAEM, Tiellas en la cuenca del río Cachi) como barreras geográficas, más la propagación vegetativa de las papas nativas, mitigan el flujo genético en este cultivo, permitiéndoles mantener distancia genética marcada entre cada población. Extrapolando esta información a otras zonas (cuencas) como centro y sur de Ayacucho, abre la posibilidad de establecer la hipótesis que cada cuenca hidrográfica

podría constituirse en pool genético con estructura poblacional propia, con grupos genéticos particulares, alelos únicos y accesiones exclusivas.

Se han publicado catálogos de diversidad de papa de diferentes regiones del Perú, incluidos Huancavelica (CIP 2006), Apurímac (Fonseca *et al.* 2014), La Libertad (CIP *et al.* 2015) y Junín (MINAGRI *et al.* 2017), pero no hay una documentación adecuada de la diversidad de papa de Ayacucho o un catálogo de diversidad local de papas nativas. En consecuencia, hay poca información disponible sobre la diversidad genética de las papas nativas y cultivadas de esta región. Posiblemente, la violencia social que ha envuelto a Ayacucho desde 1980 ha contribuido a esta brecha de conocimiento. Es necesario llenar este vacío de información con respecto a la diversidad de la papa andina, con el fin de explotar su acervo genético inexplorado para el mejoramiento genético de la papa.

4.2. FENOTIPADO DE PAPA NATIVA *Solanum goniocalix*.

Las accesiones de papa nativa resultaron con diferentes grados de severidad al ataque de *Phytophthora infestans* POX-67. En la Tabla 6 se muestran los valores de AUDPC de cada uno de las veinte accesiones fenotipadas. Las accesiones del Banco de Germoplasma del CIP resultaron resistentes: CIP 704270 (*S. goniocalix*), CIP 703593 (*S. phureja*), CIP 705476 y CIP 703446 (*S. stenotomum*); y resultaron susceptibles: CIP 703777 y CIP 703745 (*S. goniocalix*), CIP 703625 y CIP 704330 (*S. stenotomum*), CIP 701025 y CIP 703506 (*S. phureja*). El AUDPC tiene relación directa con la severidad del ataque de *Phytophthora infestans*.

El fenotipado de las 10 PNL de la colección UNSCH, resultó en todas susceptibles a *P. infestans*, cepa POX-67, a pesar que tenían antecedentes de mostrar resistencia. Se debe, probablemente, que en la zona de Ccarhuaschoqe (donde fue pre-evaluado) no prevalece la cepa POX-67, debe ser otra cepa nativa (no identificada) de la región de Ayacucho. Por lo tanto los resultados de las evaluaciones de Quicaño (2017) son válidas para dichas condiciones y por ello, resultaron susceptibles al fenotipado con POX-67.

Tabla 6: Resultado del fenotipado de 20 accesiones de papas nativas (Accesiones proporcionadas por el CIP y la UNSCH) por su respuesta a *Phytophthora infestans* POX-67. Método foliolos en placas de Petri. Yungay, fué la variedad control

Especie	Código ID	AUDPC	Fenotipo
<i>Solanum goniocalix</i>	CIP 704270	0.2	R
<i>Solanum goniocalix</i>	CIP 703777	7.9	S
<i>Solanum goniocalix</i>	CIP703745	6.9	S
<i>Solanum stenotonum</i>	CIP705476	0.3	R
<i>Solanum stenotonum</i>	CIP703446	0.4	R
<i>Solanum stenotonum</i>	CIP703625	6.9	S
<i>Solanum stenotonum</i>	CIP704330	7.1	S
<i>Solanum phureja</i>	CIP701025	6.4	S
<i>Solanum phureja</i>	CIP703506	6.2	S
<i>Solanum phureja</i>	CIP703593	0.2	R
<i>Solanum chaucha</i>	a4	8.1	S
<i>Solanum goniocalix</i>	c6	6.8	S
<i>Solanum chaucha</i>	a14	8.2	S
<i>Solanum stenotonum</i>	t84	7.4	S
<i>Solanum chaucha</i>	t66	8.9	S
<i>Solanum andigena</i>	c8	8.6	S
<i>Solanum andigena</i>	c49	7.6	S
<i>Solanum curtilobum</i>	c17	8.6	S
<i>Solanum stenotonum</i>	a20	8.7	S
<i>Solanum andigena</i>	t89	7.8	S
<i>Solanum tuberosum</i>	Yungay	9	S

AUDPC, Área bajo la curva de progreso de la enfermedad. R, Resistente; S, susceptible.

Sin embargo, las 10 accesiones de papas nativas mantenidas en el Banco del CIP, conformados por accesiones de *S. stenotonum*, *S. phureja* y *S. goniocalix* con antecedentes de fenotipados a *Phytophthora infestans* cepa POX-67 (Pérez *et al.* 2014) respondieron a la infección del patógeno de forma diferente, de acuerdo al genotipo de cada especie. Los resultados en la Tabla 6, confirman la respuesta de las accesiones resistentes y susceptibles del CIP y ratifican los resultados de Pérez *et al.* (2014), además de la respuesta muy susceptible (control) de la variedad Yungay, que también Jiang *et al.* (2018) lo utilizaron como control para la evaluación de resistencia.

Dos accesiones de *Solanum goniocalix*, CIP 704270 resistente con bajo valor AUDPC (0.2) y CIP 703777 susceptible con alto valor AUDPC (7.9), fueron seleccionados por su respuesta al fenotipado *in vitro* con *Phytophthora infestans* POX-67, como se muestra en la Figura 7.

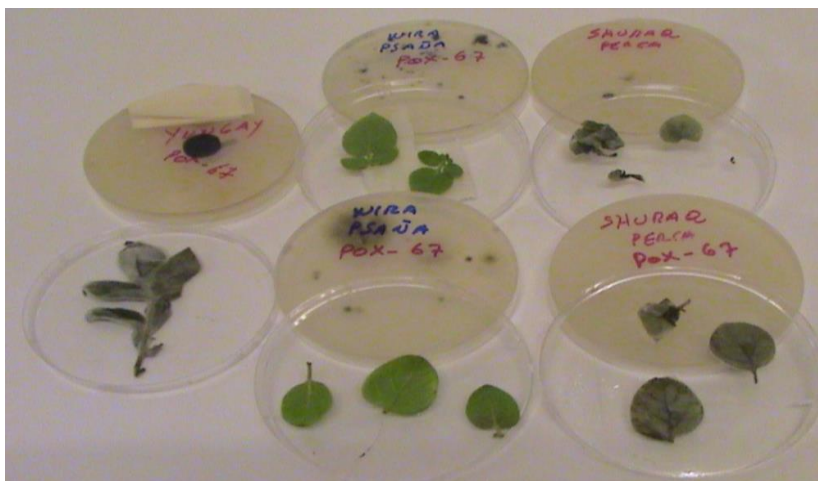


Figura 7: Respuesta al fenotipado de papa nativa *Solanum goniocalix* de las accesiones CIP 704270 (Wira Pasña) y CIP 703777 (Sumaq Perqa). Método, foliolos inoculados con *Phytophthora infestans* cepa POX-67 en placas de Petri. Después de 5 días de inoculado. Variedad control, Yungay (derecha).

Ratificando el fenotipado *in vitro*, las accesiones CIP 704270 (Wira Pasña) y CIP 703777 (Sumaq perqa) respondieron como resistente y susceptible respectivamente a la re-evaluación con el método de asperjado en planta entera (Figura 8).



Figura 8: Respuesta al fenotipado de papa nativa *Solanum goniocalix*: Wira Pasña (CIP 704270) y Sumaq Perqa (CIP 703777), método inoculación de asperjado en planta entera con *Phytophthora infestans*, cepa POX-67. Antes de inocular y después de 5 días de inoculado.

En consecuencia, para el estudio de la expresión diferencial de genes se seleccionó a la especie *Solanum goniocalix* ($2n=2x=24$), accesiones Wira Pasña (CIP 704270) y Sumaq Perqa (CIP 703777) como resistente y susceptible, respectivamente, al ataque de

Phytophthora infestans POX-67. La accesión Wira pasña forma parte del pool genético de Ayacucho, y se encuentra entre las 144 PNL colectada en la zona norte de Ayacucho, distrito de San José de Ticllas, con el código t72 (Anexo 1).

4.3. CUANTIFICACIÓN DE GENES DIFERENCIALMENTE EXPRESADOS EN HOJAS, ENTRE EL TRATAMIENTO INOCULADO Y CONTROL, DE ACCESIONES RESISTENTE Y SUSCEPTIBLE A *Phytophthora infestans* EN *Solanum goniocalix*

4.3.1. CANTIDAD, PUREZA E INTEGRIDAD DE ARN

La cantidad de ARN total extraído (ng/ul) de cada una de las 12 muestras se presenta en la Tabla 7. Se extrajo cantidades de ARN en el rango de 93.13 a 468.01 ng/ul, con un promedio de 297.63 ng/ul. En un volumen promedio de 69.66 ul.

Tabla 7: Cantidad (ng/ul) de ARN extraído de muestras de hoja de papa *Solanum goniocalix*, e indicadores de pureza mediante espectrofotometría a través de los coeficientes de absorbancia A260/A280 y A260/A230

N°	Nombre muestra	Conc (ng/μl)	Vol. (μL)	A260/A280	A260/A230
1	R48A	468.01	70	2.15	2.26
2	R48B	284.83	69	2.14	2.12
3	R48C	384.39	70	2.12	2.37
4	R0D	198.62	69	2.13	2.23
5	R0E	189.24	71	2.18	2.13
6	R0F	281.37	71	2.14	2.36
7	S48G	320.84	68	2.14	2.00
8	S48H	454.08	70	2.15	2.14
9	S48I	93.13	71	2.11	2.29
10	S0J	355.16	70	2.14	2.00
11	S0K	293.59	69	2.15	2.36
12	S0L	248.38	68	2.13	2.23
Promedio		297.63	69.66	2.14	2.24

Los valores de pureza del ARN evaluado mediante espectrofotometría resultaron en un rango de 2.11 a 2.18 del coeficiente de absorbancia A260/A280, con un promedio de 2.14. El rango de valoración de ARN con pureza óptima fue de 2.0 a 2.2 (Maniatis *et al.* 1984), por lo tanto

el ARN extraído resultó con pureza adecuada y libre de contaminantes. Por otro lado, la evaluación de pureza con el coeficiente A260/A230 resultó en un rango de 2.00 a 2.37, y el promedio fue de 2.23. Esta última relación, en una muestra de ARN de pureza óptima debe ser 2 ó ligeramente mayor, por lo tanto, también el promedio está en el margen establecido para ARN de pureza óptima, libre de contaminantes orgánicos e inorgánicos. El resultado de la calidad de la integridad del ARN, evaluado con electroforesis en gel de agarosa se muestra en la Figura 9. Se observó ausencia de ADN y la integridad de las bandas de ARN 28S y 18S

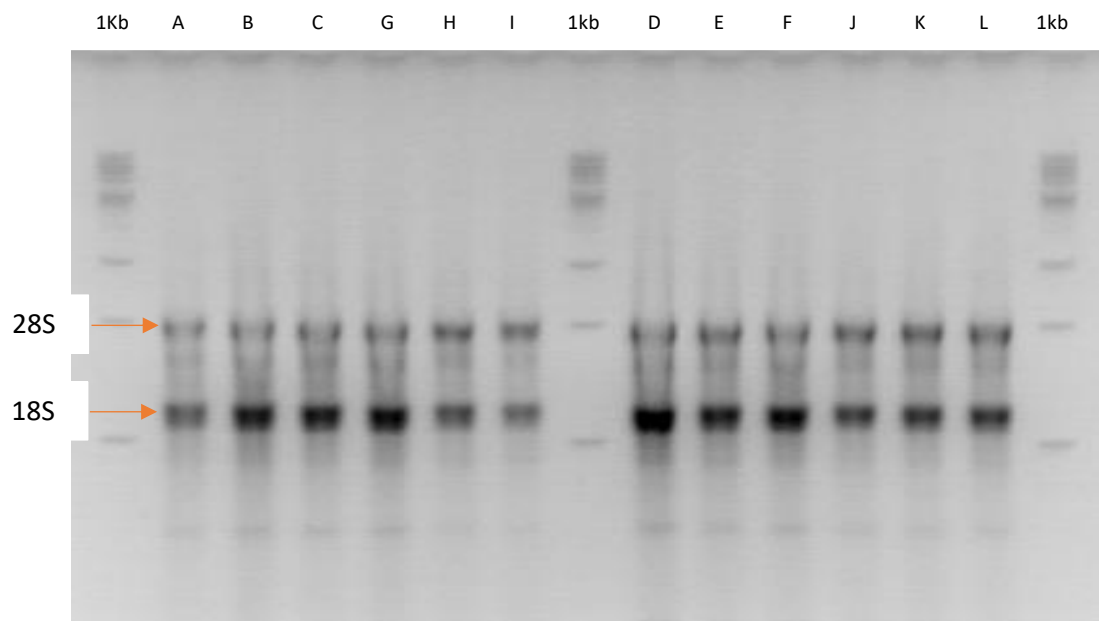


Figura 9: Pureza e Integridad del ARN extraído en 12 muestras de papa *Solanum goniocalix*.

- A, B, C = plantas de papa RESISTENTE inoculado con *Phytophthora* (48 hpi)
- G, H, I = plantas de papa SUSCEPTIBLE inoculado con *Phytophthora* (48 hpi)
- D, E y F=plantas de papa RESISTENTE sin *Phytophthora* (0 hpi)
- J, K y L = plantas de papa SUSCEPTIBLE sin *Phytophthora* (0 hpi)

La integridad del ARN fue re-evaluado por NOVOGENE usando Bioanalizador Agilent 2100 y su reporte se basa en el número de segmentos de ARN integros (RIN, RNA Integrity Number). Los valores se presentan en la Tabla 8, estuvieron en rango de 7.7 a 8.6, con promedio de 8.13 de RIN. El valor mínimo del RIN debe ser 7. Los valores obtenidos de las extracciones de ARN estuvieron por encima de 7.7, por el cual fueron aceptados para secuenciamiento.

Tabla 8: Valores del número de segmentos íntegros de ARN (RIN) en las extracciones de ARN de 12 muestras de *Solanum goniocalix*

N°	Nombre muestra	Novogene ID	RIN
1	R48A	USR18037181	7.7
2	R48B	USR18037182	8.4
3	R48C	USR18037183	8.2
4	R0D	USR18037193	8
5	R0E	USR18037194	8
6	R0F	USR18037195	8
7	S48G	USR18037184	8.4
8	S48H	USR18037185	7.8
9	S48I	USR18037186	8.4
10	S0J	USR18037196	8.1
11	S0K	USR18037197	8.6
12	S0L	USR18037198	8

4.3.2. SECUENCIAMIENTO CON ILLUMINA

Las 12 muestras fueron secuenciadas considerando lecturas pareadas (PE), es decir, fueron leídas en dos direcciones “Forward” (se identificó adicionando _1 al código de la librería) y en “Reverse” (identificados con _2) resultando 24 librerías (Tabla 9). El usar lecturas pareadas mejora la exactitud del mapeo de las lecturas al genoma de referencia. El rango de rendimiento del secuenciamiento fue entre 22´426,271 a 32´315,289 de lecturas (“reads”) por librería, todos con buena calidad, y un promedio de 27´370,780 de lecturas /librería.

Tabla 9: Resultado del rendimiento del secuenciamiento Illumina Hiseq 2500, considerando lecturas pareadas (PE) (código_1 y código_2)

N°	código librería	Total seq	Qpobre	N°	código librería	Total seq	Qpobre
1	R0D_1_fastqc	22426271	0	13	SOJ_1_fastqc	22214831	0
2	R0D_2_fastqc	22426271	0	14	SOJ_2_fastqc	22214831	0
3	R0E_1_fastqc	26603758	0	15	SOK_1_fastqc	26865248	0
4	R0E_2_fastqc	26603758	0	16	SOK_2_fastqc	26865248	0
5	R0F_1_fastqc	32315289	0	17	SOL_1_fastqc	29550226	0
6	R0F_2_fastqc	32315289	0	18	SOL_2_fastqc	29550226	0
7	R48A_1_fastqc	24450439	0	19	S48G_1_fastqc	30339609	0
8	R48A_2_fastqc	24450439	0	20	S48G_2_fastqc	30339609	0
9	R48B_1_fastqc	26292429	0	21	S48H_1_fastqc	28334636	0
10	R48B_2_fastqc	26292429	0	22	S48H_2_fastqc	28334636	0
11	R48C_1_fastqc	29745260	0	23	S48I_1_fastqc	37080049	0
12	R48C_2_fastqc	29745260	0	24	S48I_2_fastqc	37080049	0

4.3.3. CALIDAD DE LAS LECTURAS

Fueron evaluados once parámetros relacionados con calidad de las lecturas en las 24 librerías de *Solanum goniocalix* secuenciadas con plataforma Illumina. En la Tabla 10 se presenta el

resultado de nueve parámetros de calidad de las lecturas de las 24 librerías utilizando FastQC versión 0.11.2.

Tabla 10: Valores relacionados con los nueve parámetros de calidad reportados por Fastqc de las lecturas secuenciadas en las 12 librerías Par Ends (PE) de *Solanum goniocalix*, mediante plataforma Illumina.

	código librería	CSPB	CSPL	PCPS/Phred	CPBS	CGC	CNPB	DLS	ORS	CA
1	R0D_1_fastqc	36	Azul	36	10 ->	43%	0%	149 - 151 pb	0.00%	105 -> 5%
2	R0D_2_fastqc	36	Azul	36	10 ->	43%	0%	150 - 151 pb	0.00%	105 -> 5%
3	R0E_1_fastqc	36	Azul	36	10 ->	43%	0%	151 - 151 pb	0.00%	134 -> 2%
4	R0E_2_fastqc	36	Azul	36	10 ->	43%	0%	152 - 151 pb	0.00%	135 -> 2%
5	R0F_1_fastqc	36	Azul	36	10 ->	43%	0%	153 - 151 pb	0.00%	136 -> 2%
6	R0F_2_fastqc	36	Azul	36	10 ->	43%	0%	154 - 151 pb	0.00%	137 -> 2%
7	R48A_1_fastqc	36	Azul	36	10 ->	43%	0%	155 - 151 pb	0.00%	138 -> 2%
8	R48A_2_fastqc	36	Azul	36	10 ->	43%	0%	156 - 151 pb	0.00%	139 -> 2%
9	R48B_1_fastqc	36	Azul	36	10 ->	43%	0%	157 - 151 pb	0.00%	140 -> 2%
10	R48B_2_fastqc	36	Azul	36	10 ->	43%	0%	158 - 151 pb	0.00%	141 -> 2%
11	R48C_1_fastqc	36	Azul	36	10 ->	43%	0%	159 - 151 pb	0.00%	142 -> 2%
12	R48C_2_fastqc	36	Azul	36	10 ->	43%	0%	160 - 151 pb	0.00%	143 -> 2%
13	SOJ_1_fastqc	36	Azul	36	10 ->	43%	0%	161 - 151 pb	0.00%	144 -> 2%
14	SOJ_2_fastqc	36	Azul	36	10 ->	43%	0%	162 - 151 pb	0.00%	145 -> 2%
15	SOK_1_fastqc	36	Azul	36	10 ->	43%	0%	163 - 151 pb	0.00%	146 -> 2%
16	SOK_2_fastqc	36	Azul	36	10 ->	43%	0%	164 - 151 pb	0.00%	147 -> 2%
17	SOL_1_fastqc	36	Azul	36	10 ->	43%	0%	165 - 151 pb	0.00%	148 -> 2%
18	SOL_2_fastqc	36	Azul	36	10 ->	43%	0%	166 - 151 pb	0.00%	149 -> 2%
19	S48G_1_fastqc	36	Azul	36	10 ->	43%	0%	167 - 151 pb	0.00%	150 -> 2%
20	S48G_2_fastqc	36	Azul	36	10 ->	43%	0%	168 - 151 pb	0.00%	151 -> 2%
21	S48H_1_fastqc	36	Azul	36	10 ->	43%	0%	169 - 151 pb	0.00%	152 -> 2%
22	S48H_2_fastqc	36	Azul	36	10 ->	43%	0%	170 - 151 pb	0.00%	153 -> 2%
23	S48I_1_fastqc	36	Azul	36	10 ->	43%	0%	171 - 151 pb	0.00%	154 -> 2%
24	S48I_2_fastqc	36	Azul	36	10 ->	43%	0%	172 - 151 pb	0.00%	155 -> 2%

- CSPB Calidad de secuencia por base
- CSPL Calidad de secuencia por línea
- PCPS Puntuación de calidad por secuencia
- CNPB Contenido de N por base
- CA Contenido en Adaptadores
- DLS Distribución longitud de secuencias
- CPBS Contenido por base secuenciada
- CGC Contenido GC
- ORS Secuencias Sobre expresadas
- Parámetro aprobado
- Parámetro no aprobado

La calidad de secuencia por base (CSPB) se presenta en la Figura 10. El resultado de calidad con este parámetro en la librería R0D_1_fq fue de 36 (eje Y), homogénea zona de color verde indicando muy buena calidad de las secuencias. La línea azul indica el promedio de calidad que también está en la zona verde, sobre el valor de 36. FastQC muestra que las 24 librerías evaluadas presentan el mismo patrón de muy buena calidad.

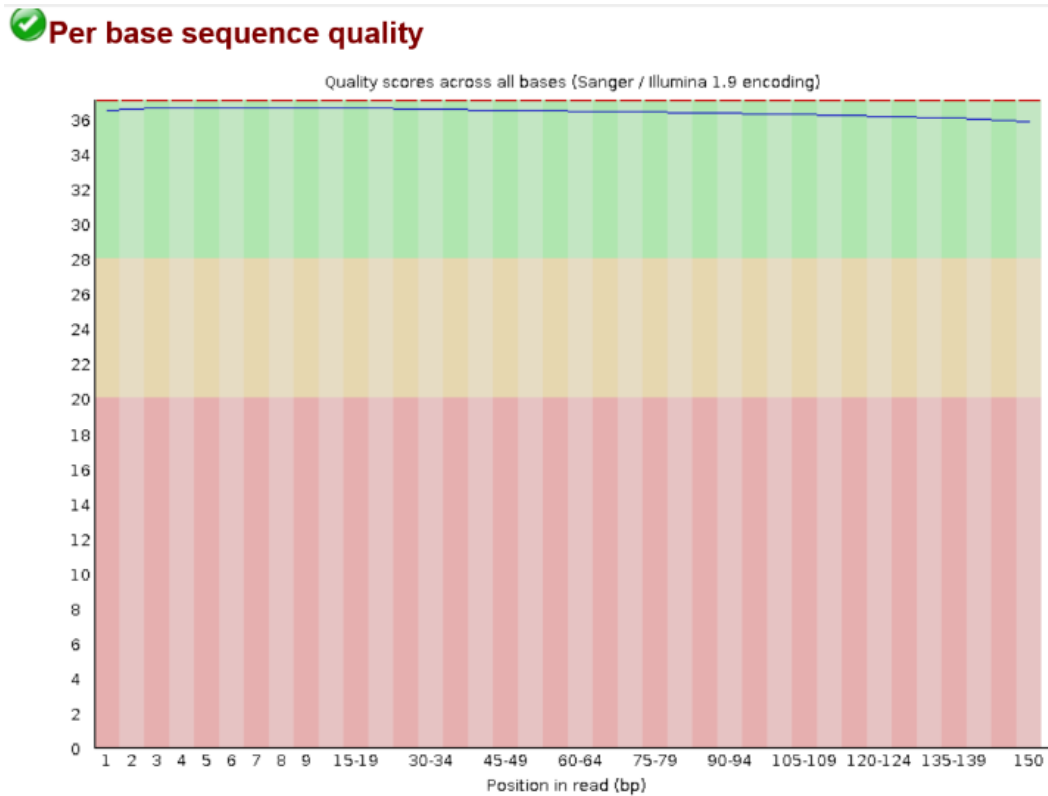


Figura 10: Calidad de secuencia por bases (CSPB) en la librería R0D_1_fq de *Solanum goniocalix*. La misma calidad fue reportada para las otras librerías.

El gráfico de la calidad de secuencia por línea (CSPL) de la librería R0D_1_fq se presenta en el Anexo 3. Los nucleótidos están ubicados de acuerdo a las coordenadas del eje X y del eje Y. Este parámetro calcula la calidad promedio de cada nucleótido secuenciado. El color azul es señal de buena calidad, si en alguna coordenada se observa el color rojo indica que ese nucleótido tiene mala calidad de secuenciamiento. FastQC reportó las coordenadas con valores en el eje Y desde 1101 hasta 2672 y en el eje X de 1 a 150, las coordenadas presentan color azul para la librería R0D_1_fq. Todas las librerías del experimento presentan el mismo color azul, indicando que la máquina que secuenció no tiene ningún defecto técnico y las secuencias son de buena calidad.

En el Anexo 4 se presenta el resultado reportado por FastQC de la librería R0D_1_fq. El histograma muestra valores phred en un rango de 35 a 37, cuyo pico más alto (mayor de 16 millones de lecturas) le corresponde puntuación phred de 36. La plataforma de secuenciación Illumina generó un archivo FASTQ adjuntando el puntaje Phred, un puntaje asociado a la calidad por base secuenciada, que se basa en una probabilidad de error estimada. El puntaje

phred mínimo es 30, que resulta de multiplicar -10 por el logaritmo en base diez de la probabilidad de error (Cock *et al.* 2010; Endrullat *et al.* 2016). El máximo error permitido es de Phred = 30, es decir un nucleótido errado por cada 1000 nucleótidos secuenciados. Todas las librerías evaluadas con FastQC reportaron los mismos puntajes phred de 36, superiores al valor mínimo, por lo cual la probabilidad de que un nucleótido este errado es de 1/4000 con una probabilidad de certeza de 99.9%, respaldando la buena calidad.

La calidad del contenido por base secuenciada (CPBS), en el Anexo 5, se muestra el resultado de este parámetro de la librería R0D-1_fq, que presenta las frecuencias de las cuatro bases muy heterogéneas (entre 20 a 40%) hasta la base número 10, a partir del cual se homogenizan y tienden a linearizarse, conservando la frecuencia de 22% las bases GC y 28% las bases TA. Por lo general en secuenciadores Illumina es normal encontrar este “ruido” hasta las 13 primeras bases, debido a la presencia de los adaptadores. Este nivel de calidad se ha presentado para todas las librerías del experimento. En el caso de secuenciamiento para ARNseq normalmente se espera heterogeneidad a lo largo de la secuencia debido a que no estamos tomando regiones al azar del genoma de tal modo que el promedio sería constante, estamos tomando solo regiones codificantes y estas regiones tiene menor contenido GC que las otras regiones del genoma. FastQC no aprobó y reportó señal (rojo) de advertencia, el cual indica que debe ser limpiado por la presencia de adaptadores.

El contenido GC (CGC) se presenta en el Anexo 6 para las lecturas de la librería R0D_1_fc que en promedio fue de 43 % y alrededor del cual hay una distribución normal. El modelamiento teórico también presenta el mismo promedio y la tendencia de distribución normal se superpone. Este parámetro permite saber si hay contaminación de la secuencia con la de otro organismo (bacteria, hongo o contaminación humana) dado que cada organismo tiene diferente porcentaje de GC, cuando esto sucede se observa curvas bimodales (con dos picos) y las tendencias binomiales no se superponen. El mismo valor GC y la misma distribución normal superponiéndose con la teórica resultó para todas las lecturas de las 24 librerías del experimento, indicando no haber contaminación con genoma de otro organismo.

Respecto al contenido de nucleótidos no identificado por base (CNPB), FastQC reportó no haber encontrado nucleótidos no identificados en las lecturas de la librería R0D_1_fc (Anexo 7), el cual corresponde a una calidad excelente. El mismo resultado fue reportado para todas

las lecturas de las 24 librerías del experimento.

La distribución de la longitud de secuencias (DLS) es el rango de tamaño de las lecturas, en la librería R0D_1_fc, fue de 149 a 151 pb, con un promedio de 150 pb (Anexo 8). FastQC califica de buena calidad el tamaño promedio de las lecturas de las 24 librerías del experimento, debido a que todas las lecturas están en el rango mostrado.

El nivel de duplicación de secuencias (NDPS) reportado por FastQC para las lecturas de la librería R0D_1_fc, fue de 55% de secuencias con nivel 1 de duplicación, 20% con nivel 2 y fue disminuyendo el porcentaje de secuencias hasta cero por ciento con mayor de 1K de duplicación (Anexo 9). Cuando se trata de secuencias de ADN no se espera que existan duplicaciones, en ARNseq sí se espera que se presenten duplicaciones debido a los diferentes genes con diferentes niveles de expresión. Los genes con más abundancia de lecturas presentarán muchas duplicaciones hasta menos de 1000 copias; y no deben presentarse duplicaciones mayores de 1000 copias, pues ellas corresponderían a ARN mitocondrial contaminante, o también a duplicados ópticos cuando el flow cell fue mal diseñado y presentan muchos cluster de lecturas duplicadas. Todas las librerías evaluadas presentaron los mismos resultados de duplicación hasta antes de 1K copias, sin contaminación con ARN ribosomal como se espera para ARNseq, por lo cual la señal (roja) de advertencia reportado del FastQC no es relevante.

Respecto a secuencias sobre representadas (ORS), FastQC reportó para las 24 librerías que en ellas no hubo sobre representación. Estas secuencias cuando los hay, pueden estar compuestas por adaptadores, o sesgos de muestreo y/o de secuenciamiento, el cual no se presentó en las librerías del experimento.

FastQC reportó para la librería R0D_1_fc, la presencia mínima de secuencias de adaptadores Illumina (CA) a partir de la base 135, en una frecuencia menor de 2%. Los mismos resultados presentaron las 24 librerías del experimento (Anexo 10). Aunque FastQC reporta señal de conformidad, es necesario la limpieza de estos adaptadores.

Finalmente, se obtiene el parámetro contenido Kmer. Para ello, la secuencia completa es

analizada por fragmentos de 7pb, con lo cual cabe esperar que estos fragmentos se encuentren en el genoma aproximadamente en la misma proporción. Así, cuando alguna de estas pequeñas secuencias predomina sobre las demás puede ser motivo de sospecha de contaminación, de adaptadores o que en la reacción de PCR se haya dado una amplificación preferente hacia dicho fragmento. Este parámetro mide el número de cada k-mer de tamaño 7 en cada posición de la librería y usa un análisis binomial para buscar desviaciones. El contenido Kmer evaluado por FastQC reporta una señal (rojo) de advertencia en la librería ROD_1_fc, debido a que en las primeras posiciones de los K-mer hay error posicional, sin embargo, a partir de la tercera posición se observa mayor estabilidad (Anexo 11). Los mismos resultados presentaron las 24 librerías evaluadas.

Además de FastQC, que es muy utilizado, existen otras herramientas bioinformáticas como MGA (Hadfield y Eldridge 2014), MultiQC (Ewels *et al.* 2016), FastQ Screen (Wingett y Andrews 2018). Cualquier sesgo importante presente en los datos crudos producidos por el secuenciador puede identificarse utilizando uno de varios programas dedicados al control de calidad que utilizan las secuencias en crudo proporcionadas en formato fastq. Siempre muestran reportes estadísticos básicos para permitir una evaluación rápida de si las secuencias tienen la calidad esperada. Generalmente los parámetros de salida incluyen el número de lecturas, el porcentaje de GC, puntaje de calidad de secuencia de base, por contenido de secuencia de base (una representación de cada nucleótido en cada posición de base para visualizar el sesgo de posición / secuencia), por Contenido de base N (un gráfico de nucleótidos no llamados (N's) en cada posición de base), lecturas duplicadas (típicamente como resultado de la sobreamplificación de PCR durante la preparación de la biblioteca) y secuencias y K-mers sobrerrepresentadas.

4.3.4. LIMPIEZA DE LAS LECTURAS

El resultado de la limpieza de los reads con Trimmomatic se muestra en la Tabla 11. Se observa que ingresaron al proceso de limpieza las 12 librerías conteniendo 28'018,170.42 lecturas por librería en promedio (Mínimo 22'214,831, máximo 37'080,049), de los cuales sobrevivieron en promedio el 93.66% al proceso de limpieza con los parámetros determinados; el resultado de sobrevivencia fue en promedio de 26'270,256.33 lecturas por librería (Mínimo 20'398,374 y máximo 34'921,050).

Tabla 11: Resultado de la limpieza de los reads de las 12 librerías de *Solanum goniocalix* utilizando el programa Trimmomatic, el promedio de supervivencia fue de 93.66 %

Librería	Lecturas Input	Lecturas output	Sobreviven %
R48A	24450439	22827755	93.36
R48B	26292429	24745408	94.12
R48C	29745260	279752586	94.05
R0D	22426271	20398374	90.96
R0E	26603758	24975298	93.88
R0F	32315289	30386620	94.03
S48G	30339609	28640618	94.4
S48H	28334636	26478467	93.45
S48I	37080049	34921050	94.18
S0J	22214831	20582748	92.65
S0K	26865248	25272790	94.07
S0L	29550226	28038690	94.88
Total	336'218,045	315'243,076	
Promedio	28'018,170.42	26'270,256.33	93.66

Para la limpieza de las lecturas de ARNseq existen herramientas como Cutadap (Martin 2011) una herramienta de línea de comandos que admite 454, Illumina y datos SOLID (espacio de color), otros como Trim Galore (Babraham 2017). Con plataforma Illumina se usó Trimmomatic ejecutado a través de Java (Bolger *et al.* 2014) que identifica el adaptador u otras secuencias contaminantes dentro de un conjunto de datos, optimizando la sensibilidad (asegurando que se eliminen todas las secuencias contaminantes) y la especificidad (dejando intactos todos los datos de secuencias no contaminantes). En la Figura 11 se muestra la ejecución de Trimmomatic en el conjunto de lecturas pareados, la limpieza ocurrió tanto en las lecturas directas (R48A-1.fq) como inversas (R48_2.fq). Después del nombre del usuario german@tesla, se observa los nombres de los directorios y ficheros (/german/RNAseq_Papa_Phyto/Data) y luego los comandos para la ejecución de Trimmomatic utilizando Java -jar. Líneas abajo se observa las secuencias de los adaptadores que utilizó Illumina para el secuenciamiento que fueron cortados o limpiados de los reads. El tamaño límite de corte fue de 145 pb. También se eliminaron las secuencias de baja calidad.

```

genomica@tesla:~/german/RNAseq_Papa_Phyto/Data
genomica@tesla:~/german/RNAseq_Papa_Phyto/Data/Trin$ cd ..
genomica@tesla:~/german/RNAseq_Papa_Phyto/Data$ java -jar /home/genomica/Software/Trimmomatic-0.36/trimmomatic-0.36.jar PE -threads 6 -phred33 R48A_1.fq R48A_2.fq -baseout R48A_trin ILLUMINA CLIP:/home/genomica/german/RNAseq_Papa_Phyto/Data/Trin/Illumina_adapters.fa:2:30:10 SLIDINGWINDOW:5:20 MINLEN:47
TrimmomaticPE: Started with arguments:
-threads 6 -phred33 R48A_1.fq R48A_2.fq -baseout R48A_trin ILLUMINA CLIP:/home/genomica/german/RNAseq_Papa_Phyto/Data/Trin/Illumina_adapters.fa:2:30:10
SLIDINGWINDOW:5:20 MINLEN:47
Using templated Output files: R48A_trin_1P R48A_trin_1U R48A_trin_2P R48A_trin_2U
Using Long Clipping Sequence: 'GTTTACAGAGTTCTACAGTCCGACGATC'
Using Long Clipping Sequence: 'CGACAGGTTTACAGTCTACAGTCCGACGATC'
Using Long Clipping Sequence: 'AATGATACGGCCACCCGACAGGTTTACAGTCTACAGTCCGA'
Using Medium Clipping Sequence: 'CAAGCAGAAGCGGCATACGA'
Skipping duplicate Clipping Sequence: 'AATGATACGGCCACCCGACAGGTTTACAGTCTACAGTCCGA'
Using Long Clipping Sequence: 'CAAGCAGAAGCGGCATACGAGATCGTGTGACTGGAGTTC'
Using Long Clipping Sequence: 'CAAGCAGAAGCGGCATACGATACATCGGTGACTGGAGTTC'
Using Long Clipping Sequence: 'CAAGCAGAAGCGGCATACGATCGCTTAACTGACTGGAGTTC'
Using Long Clipping Sequence: 'CAAGCAGAAGCGGCATACGAGATGGTCACTGACTGGAGTTC'
Skipping duplicate Clipping Sequence: 'CAAGCAGAAGCGGCATACGA'
Using Medium Clipping Sequence: 'TTAGCACCCCTGCCAAG'
Using Long Clipping Sequence: 'ACACTTTTCCCTACAGCAGCTTCTCCGATCT'
Skipping duplicate Clipping Sequence: 'AATGATACGGCCACCCGACAGGTTTACAGTCTACAGTCCGA'
Skipping duplicate Clipping Sequence: 'CAAGCAGAAGCGGCATACGA'
Using Long Clipping Sequence: 'CAAGCAGAAGCGGCATACGAGATGTAGCCGTGACTGGAGTTCCTTGGCACCCGAGAATTC'
Using Long Clipping Sequence: 'CAAGCAGAAGCGGCATACGAGATTAAGCTAGTGGAGTTCCTTGGCACCCGAGAATTC'
Using Long Clipping Sequence: 'GATCGTCGGACTGTAGAATCTCTGAAC'
Using Long Clipping Sequence: 'CAAGCAGAAGCGGCATACGAGATCGGTCTCGGATTCCTGCTGAACCGCTCTCCGATCT'
Using Long Clipping Sequence: 'CATGTGTTGTAGAGGTTTC'
Using Medium Clipping Sequence: 'CAAGCAGAAGCGGCATACGA'
Skipping duplicate Clipping Sequence: 'CAAGCAGAAGCGGCATACGAGATTAAGCTAGTGGAGTTCCTTGGCACCCGAGAATTC'
Using Long Clipping Sequence: 'CAAGCAGAAGCGGCATACGAGATTTGACTGTGACTGGAGTTCCTTGGCACCCGAGAATTC'
Using Long Clipping Sequence: 'CAAGCAGAAGCGGCATACGAGATGGACTGTGACTGGAGTTCCTTGGCACCCGAGAATTC'
Using Long Clipping Sequence: 'CAAGCAGAAGCGGCATACGAGATTTGACTGTGACTGGAGTTCCTTGGCACCCGAGAATTC'
Using Long Clipping Sequence: 'CGACTACGGCTCCGGTTTCTCTCTATGGGAGTCCGTGAT'
Using Long Clipping Sequence: 'CAAGCAGAAGCGGCATACGAGATCGGACGGTGTGACTGGAGTTCCTTGGCACCCGAGAATTC'
Using Long Clipping Sequence: 'CAAGCAGAAGCGGCATACGAGATCTCTAGTGGAGTTCCTTGGCACCCGAGAATTC'
Using Long Clipping Sequence: 'CAAGCAGAAGCGGCATACGAGATCGGAGGCTGACTGGAGTTCCTTGGCACCCGAGAATTC'
Using Long Clipping Sequence: 'CTGCCCGGGTCTCTCTCTCAGCAGCATG'
Using Long Clipping Sequence: 'CAAGCAGAAGCGGCATACGAGATTTTACGTTGACTGGAGTTCCTTGGCACCCGAGAATTC'

```

Figura 11: En entorno Linux, los adaptadores Illumina y los cebadores utilizados en el RNA-Seq fueron separado con los comandos de Trimmomatic.

El conjunto de técnicas y herramientas empleadas en el proceso de secuenciación y limpieza de secuencias, producen una enorme cantidad de datos que deben ser tratados con distintos software basados en principios matemáticos, que permitan llevar a cabo su análisis de una manera rápida y secuencia lógica; ante esta necesidad surgieron diferentes software libre de fuente abierta como TopHat y Cufflinks dentro del protocolo Tuxedo (Trapnell *et al.* 2012) que reportan resultados en RPKM ó FPKM (normalizan reduciendo ambas diferencias, tamaño de la biblioteca y longitud). Sin embargo en el proceso de normalización de los datos (con RPKM y FPKM) en los recuentos para el sesgo de longitud pueden introducir sesgos adicionales (Oshlack y Wakefield 2009; Bullard *et al.* 2010; Dillies *et al.* 2013; Finotello *et al.* 2014). Otros métodos estiman y corrigen la dependencia de los recuentos en la longitud del gen y otras covariables específicas de la secuencia, como el contenido de GC y la composición de dinucleótidos, utilizando la regresión cuantil (Risso *et al.* 2011; Hansen *et al.* 2012) y modelos lineales generalizados. Por ello, algunos autores recomiendan usar edgeR y DESeq (Seyednasrollah *et al.* 2016, Sonesson y Delorenzi 2013) que se basa en la distribución binomial negativa que relaciona dos parámetros, la media y la dispersión, y por lo tanto permite modelar más relaciones de la varianza con la media, donde la varianza es mayor que la media, además que la distribución binomial negativa incorpora la variabilidad entre las repeticiones biológicas que se presentan en RNA-seq (Bullard *et al.* 2010).

4.3.5. MAPEO DE LAS LECTURAS AL GENOMA DE REFERENCIA

El resultado de la ejecución del programa STAR y en base al alineamiento al genoma indexado de referencia, reportó cuatro tipos de lecturas (Tabla 12): Primero, lecturas totales que fueron mapeadas en promedio 92.01%. Segundo, lecturas múltiples (lecturas que mapean a más de un sitio en el genoma de referencia, probablemente a regiones repetitivas del genoma) cuyo porcentaje promedio fue 4.08%. Tercero, lecturas de mapeo único (lecturas que mapean a un sitio único en el genoma de referencia, lugares que no son repetitivos del genoma) cuyo porcentaje promedio fue 87.93%, y las lecturas no mapeadas al genoma de referencia fue de 7.99%.

El hecho de tener 92.01% de lecturas mapeadas, indica que sí son secuencias que corresponden a la especie, que el genoma de referencia usado es de buena calidad. El 7.99% de secuencias no mapeadas indica que el espacio génico del genoma de referencia usado posiblemente no contiene este grupo de genes de *Solanum goniocalix* por la diferencia de especies ya que el genoma de referencia está más relacionado con *Solanum phureja* (Xu *et al.* 2011). Se descarta cualquier contaminación al preparar la librería antes de secuenciamiento (Librería preparada por Novogene Corporation Inc), por ello el resultado del mapeo es suficientemente bueno para continuar con los análisis siguientes.

Es desable tener mayor porcentaje de secuencias alineadas al genoma de referencia; el resultado de mapeo en este estudio reportó alineamiento de secuencias únicas (87.93%) que es mayor en comparación a otros trabajos. Gao *et al.* (2013) luego de alinear secuencias de papa transgénica estimuladas con *Phytophthora infestans*, obtuvieron 78.7 % de alineamientos únicos, además de un rendimiento de 13.4 millones de reads pareados (PE) por muestra, el 90.3 % pasaron el filtro de calidad y 3.5% de alineamientos múltiples; también, Yang *et al.* (2018) quienes obtuvieron un rango de 57.29-72.13% de mapeos únicos contra el genoma de referencia de papa, al evaluar una línea de papa mejorada (SD20) resistente a *Phytophthora infestans* cepa CN152 aislada en China.

Se tienen alineadores como SOAP (Li *et al.* 2008), SOAP3 (Luo *et al.* 2013) y Bowtie2 (Langmead y Salzberg 2012) que hacen alineamientos directos y no completan los gaps que se pueden presentar en el alineamiento entre exones consecutivos, solo alinean al exon con mayor puntuación descartando al otro exón de baja puntuación; son útiles cuando se está

alineando secuencias de ADN contra un genoma de referencia o cuando ARNseq se alinea contra un transcriptoma de referencia que ya no tiene intrones que pudieran causar gap. STAR, TopHat2 (Kim *et al.* 2013), Hisat2 (Kim *et al.* 2015) y bbmap son programas que si completan los gaps (gaps aliner) entre exones consecutivos, por lo cual permiten alinear ARNseq a un genoma de referencia con más precisión. Sin embargo, el programa TopHat2 ya no es mantenido por sus creadores, en su lugar han creado el Hisat2 que es muy rápido pero su calidad de alineamiento aun es discutible. Por ello, se optó utilizar el programa STAR (Dobin y Gingeras 2015).

Tabla 12: Número y porcentaje de lecturas mapeados de 12 librerías de *Solanum goniocalix* al genoma de referencia de papa *Solanum_tuberosum.Soltub.3.0.dna.toplevel.fa.gz*

Nombre librerías	Lecturas Totales	Total mapeados	%total mapeados	Con mapeo múltiple	% Mapeo múltiple	Con mapeo único	% Mapeo único	No mapeados
R48A	47398026	43353448	91.47%	1654926	3.49%	41698522	87.98%	8.53%
R48B	51218548	46818700	91.41%	1847371	3.61%	44971329	87.80%	8.59%
R48C	57910202	53204824	91.87%	1976333	3.41%	51228491	88.46%	8.13%
S48G	59893568	54666092	91.27%	2045387	3.42%	52620705	87.86%	8.73%
S48H	54708012	49917835	91.24%	1964538	3.59%	47953297	87.65%	8.39%
S48I	72287734	66225093	91.61%	2615413	3.62%	63609680	88%	7.69%
R0D	41740904	38532626	92.31%	1607250	3.85%	36925376	88.46%	7.29%
R0E	52261774	48450142	92.71%	2062379	3.95%	46387763	88.76%	7.44%
R0F	52261774	58632077	92.56%	2716340	4.29%	55915737	88.27%	7.18%
S0J	42225972	39194192	92.82%	1901763	4.50%	37292429	88.32%	6.99%
S0K	52638960	48959396	93.01%	3788764	7.20%	45170632	85.81%	6.99%
S0L	58355444	53596973	91.85%	2381674	4.08%	51215299	87.76%	8.15%
Total	653981980	601551398		26562138		574989260		
Promedio	54498498	50129283.2	92.01%	2213511.5	4.08%	47915771.7	87.93%	7.99%

En el resultado de las lecturas mapeadas al genoma de referencia (*Solanum_tuberosum.Soltub.3.0.dna.toplevel.fa.gz*) y anotadas al genoma de anotación (*Solanum_tuberosum.Soltub.3.0.43.gtf.gz*), empleando el programa STAR (<https://github.com/alexdobin/STAR>), como lo señalan Dobin y Gingeras (2015), funcionó como filtro y descartó a las secuencias ajenas al genoma, permitiéndonos identificar las secuencias mapeadas que constituyen el total de secuencias expresadas por los tejidos de las hojas de papa. Las ventajas de la alineación con un genoma de referencia incluyen una computación más eficiente y la eliminación de lecturas contaminantes, por ejemplo de genomas microbianos, ya que es poco probable que se alineen correctamente (Martin 2011).

Sin embargo, la eficiencia de mapeo depende de la calidad del genoma de referencia disponible.

Bowtie (Langmead y Salzberg 2012) de la suite Tuxedo mapea eficientemente las lecturas a un genoma de referencia. Aunque permite una alineación con espacios, Bowtie es adecuado para alinear las lecturas de ADN genómico ya que no considera intrones en los empalmes. Otra opción es TopHat 2, que utiliza Bowtie, pero además analiza los resultados del mapeo para identificar las uniones de empalme (Kim *et al.* 2013; Vodnala *et al.* 2019). Una mejor alternativa es STAR, que también es sensible al empalme pero, lo más importante es 50 veces más rápido en la alineación que TopHat 2 con una mejor precisión y sensibilidad de alineación (Dobin *et al.* 2013). Confirman la alta eficiencia de STAR v2.4.0 (Mi *et al.* 2018; Garrett-Bakelman *et al.* 2019). Ambos alineadores (Bowtie o STAR) finalmente generan un archivo SAM como salida. El resultado de SAMTools, Figura 12, muestra los archivos *.bam que contienen la información de las secuencias de los transcritos alineados en formato binario. Además, se tiene acceso a los alineamientos y es más fácil navegar en ellos. Para facilitar la navegación fueron indexados en los archivos *.bam.bai de las 12 librerías de *Solanum goniocalix*.

En la Figura 12 se observa los archivos *.sam, convertidos en archivo binarios *.bam e indexados como archivos *.bam.bai con SAMtools, de las 12 librerías ARNseq de *Solanum goniocalix*. Para la ejecución de la línea de comando, se usó los archivos *.sam (procedentes del análisis con STAR) de cada librería. Así también, se usó la secuencia del genoma de la papa como genoma de referencia (genome.fa) para el ensamblaje de lecturas, además del archivo de anotación del genoma de la papa (formato:*.gtf), que describe la posición y/o ubicación de las secuencias de los genes dentro del genoma de referencia.

```

genomica@tesla:~/german/RNaseq_Papa_Phyto/Result$ ls -lh
total 4,0K
drwxr-xr-x 2 genomica lab 4,0K jul 16 11:04 Mapping
genomica@tesla:~/german/RNaseq_Papa_Phyto/Result$ cd Mapping
genomica@tesla:~/german/RNaseq_Papa_Phyto/Result/Mapping$ ls
total 22G
-rw-r--r-- 1 genomica lab 1,5G jul 16 11:03 R0D.bam
-rw-r--r-- 1 genomica lab 1,3M jul 16 11:03 R0D.bam.bai
-rw-r--r-- 1 genomica lab 1,9G jul 16 11:04 R0E.bam
-rw-r--r-- 1 genomica lab 1,4M jul 16 11:04 R0E.bam.bai
-rw-r--r-- 1 genomica lab 2,2G jul 16 11:04 R0F.bam
-rw-r--r-- 1 genomica lab 1,5M jul 16 11:04 R0F.bam.bai
-rw-r--r-- 1 genomica lab 1,7G jul 16 11:02 R48A.bam
-rw-r--r-- 1 genomica lab 1,3M jul 16 11:02 R48A.bam.bai
-rw-r--r-- 1 genomica lab 1,8G jul 16 11:02 R48B.bam
-rw-r--r-- 1 genomica lab 1,3M jul 16 11:02 R48B.bam.bai
-rw-r--r-- 1 genomica lab 1,9G jul 16 11:03 R48C.bam
-rw-r--r-- 1 genomica lab 1,3M jul 16 11:03 R48C.bam.bai
-rw-r--r-- 1 genomica lab 1,5G jul 16 11:00 S0J.bam
-rw-r--r-- 1 genomica lab 1,3M jul 16 11:00 S0J.bam.bai
-rw-r--r-- 1 genomica lab 2,0G jul 16 11:00 S0K.bam
-rw-r--r-- 1 genomica lab 1,5M jul 16 11:00 S0K.bam.bai
-rw-r--r-- 1 genomica lab 2,0G jul 16 11:01 S0L.bam
-rw-r--r-- 1 genomica lab 1,4M jul 16 11:01 S0L.bam.bai
-rw-r--r-- 1 genomica lab 2,0G jul 16 10:58 S48G.bam
-rw-r--r-- 1 genomica lab 1,4M jul 16 10:58 S48G.bam.bai
-rw-r--r-- 1 genomica lab 1,8G jul 16 10:58 S48H.bam
-rw-r--r-- 1 genomica lab 1,3M jul 16 10:58 S48H.bam.bai
-rw-r--r-- 1 genomica lab 2,4G jul 16 10:59 S48I.bam
-rw-r--r-- 1 genomica lab 1,4M jul 16 10:59 S48I.bam.bai

```

Figura 12: En entorno Linux y usando SAMtools son convertidos los archivos *.sam a *.bam.

4.3.6. TABLA DE CONTEO DE LECTURAS

EL resultado de featureCounts, utilizando los archivos *.bam de las 12 librerías de *Solanum goniocalix* (Figura 13), nos reporta el total de fragmentos mapeados en archivos de salida papa_phyto_Counts.txt (Figura 13). En el entorno Linux, con el comando cat se observa la tabla conteniendo la relación de 40,336 transcritos (total de genes que están anotados) en las doce librerías. Luego del proceso de filtrado de los conteos con edgeR, el software reportó 19,666 genes alineados que no distorsionan el modelamiento en todas las repeticiones y al menos en un tratamiento y 20,670 genes que distorsionan el modelamiento. Gao *et al.* (2013) en papa transgénica encontró 29,319 genes basados en FPKM (fragmentos por kilobase de exón por millón de reads mapeados) a partir de 36 muestras de ARN-seq. La diferencia de resultados posiblemente se debe a que se usaron diferentes especies de papa, y diferentes métodos de análisis de los datos de ARNseq.

Los resultados del análisis con “featureCounts” se muestra en la parte inferior de la Figura 13; una tabla de doble entrada (La primera columna, en la derecha, la identificación de los genes (GeneID), seguido de 12 columnas con la identificación de las 12 librerías de genes de *Solanum goniocalix* expresándose en respuesta al estrés con *Phytophthora infestans*. En la Figura 13, se observa el conteo de nueve genes de *S. goniocalix* y los valores dentro de la Tabla son conteos totales de exones. Se presenta el resultado del conteo de genes expresados en el genoma de *Solanum goniocalix* al ser estresado con *Phytophthora infestans*. En la

respectivamente). En todos los casos alejados del centro y en ubicaciones opuestas. Esta distribución de las librerías en las coordenadas del PCA asegura encontrar diferencias significativas en todos los grupos debido a que las muestras y las repeticiones se agrupan en función a sus tratamientos, y no hay agrupaciones mezcladas. También Gao *et al.* (2013) reportaron el PCA mostrando clara separación entre muestras analizando el ARN-seq de papa transgénica inoculada con *Phytophthora infestans*, en tres tiempos (0, 24 y 48 hpi). Estos resultados indica que los tres factores en evaluación: los tratamientos (con y sin inoculación con el patógeno), tiempos de obtención de muestras (hpi) y genotipos (resistente y susceptible) presentan adecuada varianza dentro y entre cada factor.

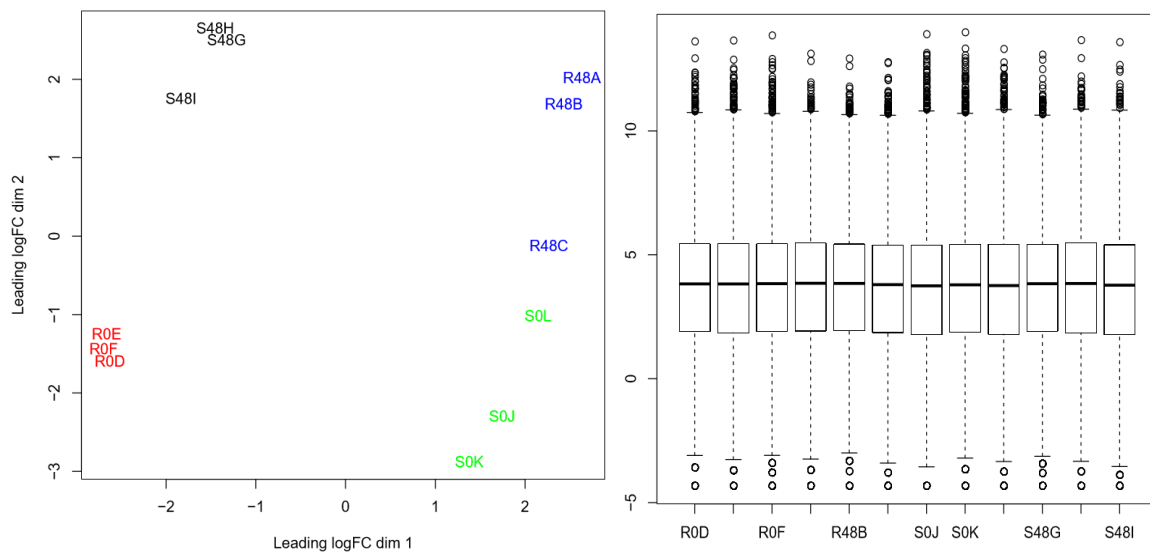


Figura 14: Izquierda, PCA de las 12 librerías. Derecha, librerías normalizadas de *Solanum goniocalix* con edgeR en Rstudio.

La normalización se usa para corregir las diferencias en los tamaños de las bibliotecas. En el boxplot de la Figuran 14 (derecha), se muestra los promedios de cada librería ya estandarizada y normalizada, de los 19,666 transcritos correspondientes a genes activos, expresándose en hojas de *Solanum goniocalix* y en las condiciones dadas. Las doce librerías tiene lecturas con distribuciones y promedios parecidos; es decir, los datos ya están preparados para el análisis diferencial. Li *et al.* (2012) propusieron un método de normalización que asume un modelo de recuento de Poisson y estima la profundidad de secuenciación. Sin embargo, se utilizó edgeR que hace un modelamiento y ajuste a distribución binomial negativa para normalizar. EdgeR, al igual que "DESeq" (Anders y Huber 2010), calcula las relaciones entre los recuentos de genes en cada muestra, la media

geométrica de los recuentos de genes en todas las muestras y el tamaño de la biblioteca se calcula como la mediana de estas proporciones entre los genes. Diferentes estudios (Finotello *et al.* 2014; Dillies *et al.* 2013) señalan a los métodos “edgeR” y “DESeq” como los más indicados para la normalización del tamaño de la biblioteca (Lovén *et al.* 2012; Rapaport *et al.* 2013; Finotello y Di Camillo 2015; Liu *et al.* 2015), debido a que usan los conteos directos calculando la media y la varianza.

Soneson y Delorenzi (2013) evaluaron once métodos de análisis de expresión diferencial usando datos de ARN-seq (Métodos paramétricos: DESeq, edgeR, NBPSq, TSPM, voom+limma, baySeq, EBSq, NOISeq, vst+limma. Métodos no paramétricos: SAMseq y ShrinkSeq), concluyeron que no hay un método único óptimo bajo todas las circunstancias, y se debe sincronizar el método con la situación particular y las condiciones experimentales. Sin embargo resaltan, cuando el tamaño de muestra es pequeño (2 a 5 muestras por condición), los mejores resultados fueron generalmente obtenidos por DESeq y edgeR. En nuestro caso, el tamaño de la muestra es pequeña, tenemos 3 muestras por condición (Tabla 2), por ello se eligió edgeR para realizar el análisis.

a. Efecto del tratamiento (patógeno) en la expresión diferencial de genes

• **Expresión diferencial de genes sólo en la accesión susceptible (EDG-S)**

El análisis se realizó con “edgeR” usando las librerías normalizadas. Se analizó solo el transcriptoma de la accesión susceptible (S) Sumaq Perqa (CIP-703777), para comparar los genes expresados por estímulo del patógeno (*Phytophthora infestans* POX 67) a 48 hpi vs los genes expresados sin el estímulo del patógeno a 00 hpi (control). Después de 48 horas de la inoculación con el patógeno, se observó la expresión de 19,666 genes, de los cuales 856 (Anexo 12) presentaron patrones de expresión estadísticamente diferentes entre el tratamiento estimulado por el patógeno (48 hpi) vs el tratamiento sin el estímulo (00 hpi). La distribución y agrupamiento de los genes expresados diferencialmente con $\text{Log}_2\text{FC} \geq 2$ ($\text{FDR} < 0.001$) se muestra en la Figura 15, en los recuadros A (smearplot) y B (volcanoplot). Los puntos de color azul representan a los genes sobre-expresados (Up) y sub-expresados (Down) con $\text{logFC} +2$ y $\text{LogFC}-2$, respectivamente. En el Heatmap (Figura 15, C), se muestra la tendencia del agrupamiento, verticalmente se observa cinco grupos de genes; de

ellos, dos grupos tienen alta intensidad de expresión al ser estimulados con el tratamiento *P. infestans* a 48 hpi (repeticiones S48I, S48G y S48H), los mismos genes sin estímulo del tratamiento a 00 hpi (repeticiones S0L, S0J y S0K) tienen una expresión muy baja; tres grupos de genes con respuesta inversa. La intensidad de calor (heat) está relacionado con la intensidad de expresión de estos genes. En la leyenda la gradiente de colores, marrón indica mayor intensidad de expresión (> E) y el blanco menor intensidad de expresión (<E).

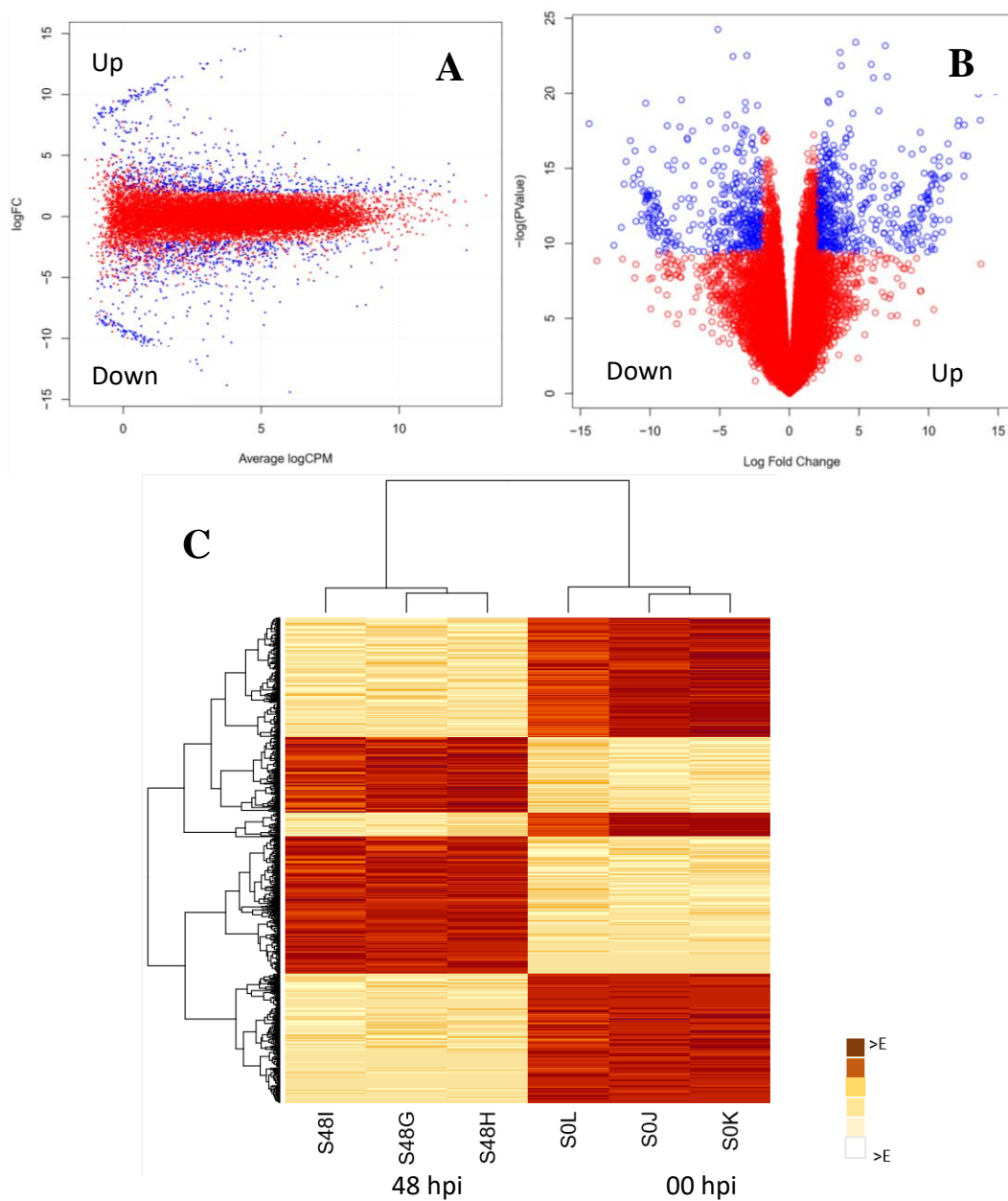


Figura 15: Perfil de expresión de 865 genes expresados diferencialmente sólo en la accesión susceptible (S) Sumaqqerqa (CIP-703777) por estímulo del patógeno (*Phytophthora infestans* POX 67).

De los 856 genes expresados diferencialmente en base a los dos tratamientos: Sin estímulo del patógeno a 00 hpi (repeticiones S0J, S0K y S0L) y estimulados por el patógeno a 48 hpi (repeticiones S48G, S48H y S48I). Considerando las intensidades de calor (heat) en el dendograma de los 865 genes se observa 5 grupos. La expresión diferencial de estos genes es únicamente por el factor tratamiento (patógeno) y se observa que muchos genes se sobre-expresan intensamente a 48 hpi, mientras que los mismos genes están sub-expresados a 00hpi.

- **Expresión diferencial de genes sólo en la accesión resistente (EDG-R)**

Considerando sólo el transcriptoma de la accesión resistente (R) Wira Pasña, (accesión CIP-704270), mediante la comparación de los genes expresados por estímulo del patógeno (*Phytophthora infestans* POX 67) a 48 hpi vs los expresados sin el estímulo del patógeno a 00 hpi (basal). El resultado, después de 48 horas de inoculado con el patógeno, mostró la expresión de 19,966 genes, de los cuales 654 genes (Anexo 13) presentan patrones de expresión estadísticamente diferentes entre el tratamiento estimulado por el patógeno (48 hpi) vs cuando no ocurre el estímulo (00 hpi).

El resultado de la distribución y agrupamiento de los genes expresados diferencialmente con Log2FC de 2 (FDR < 0.001) se muestra en la Figura 16. En los recuadros A (smearplot) y B (volcanoplot) los puntos de color azul representan a los genes sobre-expresados (Up) y sub-expresados (Down) con logFC positivos (>+2) y LogFCnegativos (<-2), respectivamente. En el Heatmap (Figura 16, C), se muestra la tendencia del agrupamiento de los 654 genes expresados diferencialmente en base a los dos tratamientos sin estímulo del patógeno a 00 hpi (repeticiones R0D, R0E y R0F) y estimulados por el patógeno a 48 hpi (repeticiones R48A, R48B y R48C): considerando las intensidades de calor (heat) en el dendograma de los 654 genes se observa 3 grupos verticalmente en las seis librerías de esta accesión resistente. Un grupo de genes por estímulo del patógeno *P. infestans* a 48 hpi, tienen alta expresión (marrón), y estos mismos genes tienen baja expresión (amarillo) cuando no están estimulados por el patógeno (00 hpi). En dos grupos de genes sucede lo contrario. En la leyenda la gradiente de colores, el marrón indica mayor intensidad de expresión (>E), el blanco menor intensidad de expresión (<E).

La expresión diferencial de estos genes es únicamente por el factor tratamiento (patógeno *P. infestans*), y se observa que muchos genes se sobre-expresan intensamente a 48 hpi, mientras que los mismos genes se sub-expresan a 00hpi.

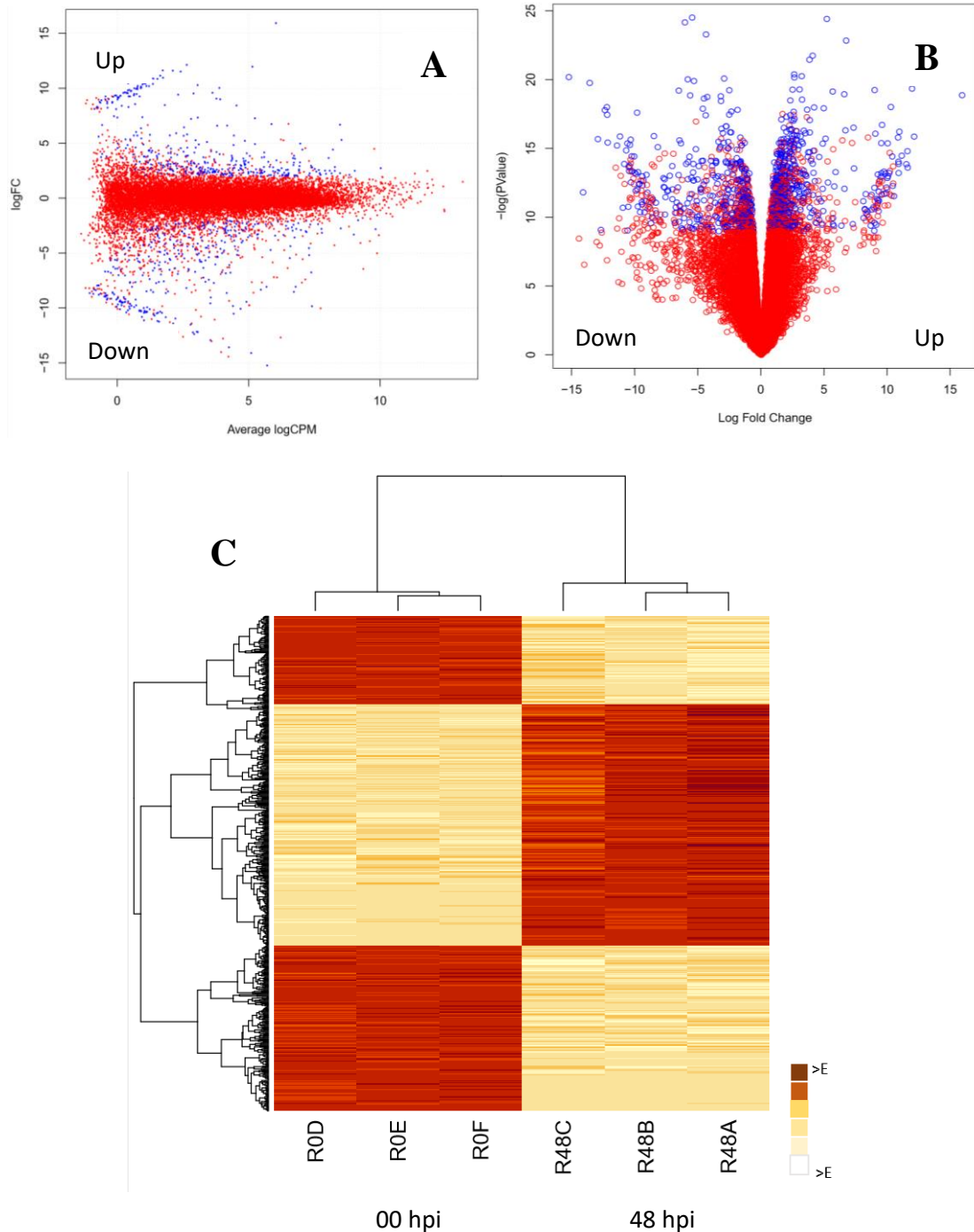


Figura 16: Perfil de expresión de 654 genes expresados diferencialmente sólo en la accesión resistente (R) Sumaq Perqa por estímulo del patógeno (*Phytophthora infestans* POX 67).

- **Cuantificación de genes diferencialmente expresados entre EDG-S vs EDG-R a 48 hpi como reacción al tratamiento (patógeno)**

El diagramas de Venn-Euler muestra, Figura 17, en forma global, que 531 genes se expresan diferencialmente solo en la accesión susceptible Sumaq Perqa (del total 856 genes expresados del resultado EDG-S) y 329 genes que solo se expresan diferencialmente en la accesión resistente Wira Pasña (del total expresado de 654 genes, mostrado en el resultado EDG-R) estimulados por *Phytophthora infestans* a 48 hpi. La intersección de ambos transcriptomas muestra los genes que se expresan en ambas accesiones, susceptible y resistente (325 genes), estimulados por *P. infestans* después de 48 hpi. El conjunto de la intersección de genes agrupa a genes que, por efecto del patógeno se encuentran sobre y sub-expresados indistintamente en ambas accesiones (R,S). El análisis de la cuantificación más detallada de dichos genes se muestra en la Figura 18.

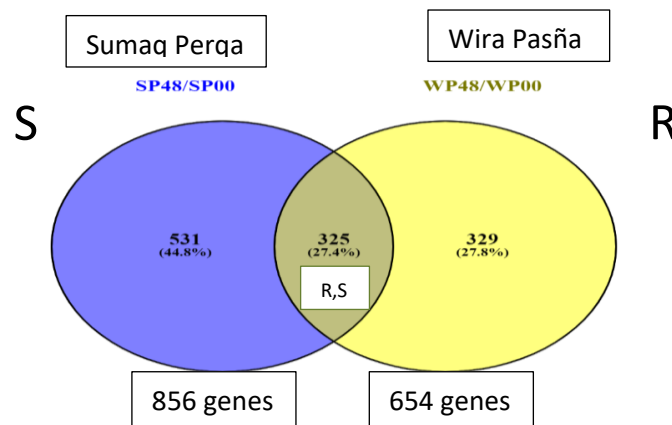


Figura 17: Diagrama de Venn-Euler de genes diferencialmente expresados entre la accesión susceptible (S) y la accesión resistente (R) de *S. goniocalix*, al ser estimulados con *Phytophthora infestans* POX-067 a 48 hpi.

De los 856 genes expresados diferencialmente en en la accesión susceptible Sumaq Perqa, como se muestra en la Figura 18 (flecha hacia arriba indica sobre-expresión y flecha hacia abajo, sub-expresión de genes), resultaron 481 genes sobre-expresados ($\text{Log}_2\text{FC} > +2$, $\text{FDR} \leq 0.001$); de ellos, 315 genes únicos se sobre-expresan (subconjunto azul, Figura 18). Además, resultaron 375 genes sub-expresados ($\text{Log}_2\text{FC} < -2$, $\text{FDR} \leq 0.001$), de ellos 216 son genes únicos sub-expresados en la accesión susceptible (subconjunto verde) por efecto del patógeno.

En la accesión resistente Wira Pasña (Figura 18), de los 654 genes expresados diferencialmente, 336 genes resultaron sobre-expresados ($\text{Log}_2\text{FC} > +2$, $\text{FDR} \leq 0.001$); de ellos, 186 son genes únicos sobre-expresados (subconjunto amarillo, Figura 18). Además, resultaron 318 genes sub-expresados ($\text{Log}_2\text{FC} > -2$, $\text{FDR} \leq 0.001$); de ellos, 143 son genes únicos sub-expresados de la accesión resistente (subconjunto rojo) por efecto del patógeno.

Se registraron 19 genes siempre sobre-expresados en ambas accesiones (sub conjunto azul-amarillo), y 28 genes siempre sub-expresados también en ambas accesiones (sub conjunto intersección verde-rojo, Figura 18). Esto hace un total de 47 genes que no son diferenciales, genes que están sobre o sub- expresados, a 48 hpi, en ambas accesiones.

Se identificaron dos grupos de genes con expresión diferencial muy marcada. El primer grupo conformado por 131 genes (sub conjunto intersección amarillo-verde) que se sobre-expresaron en la accesión resistente Wira Pasña y estos mismos genes se sub-expresan en las accesiones susceptibles Sumaq Perqa al estímulo de *P. infestans*. El segundo grupo, cuyo perfil de expresión es de manera inversa, lo conforman 147 genes (sub conjunto intersección, color morado) que se sobre-expresan en la accesión susceptible y sub-expresan en la accesión resistente por efecto del patógeno.

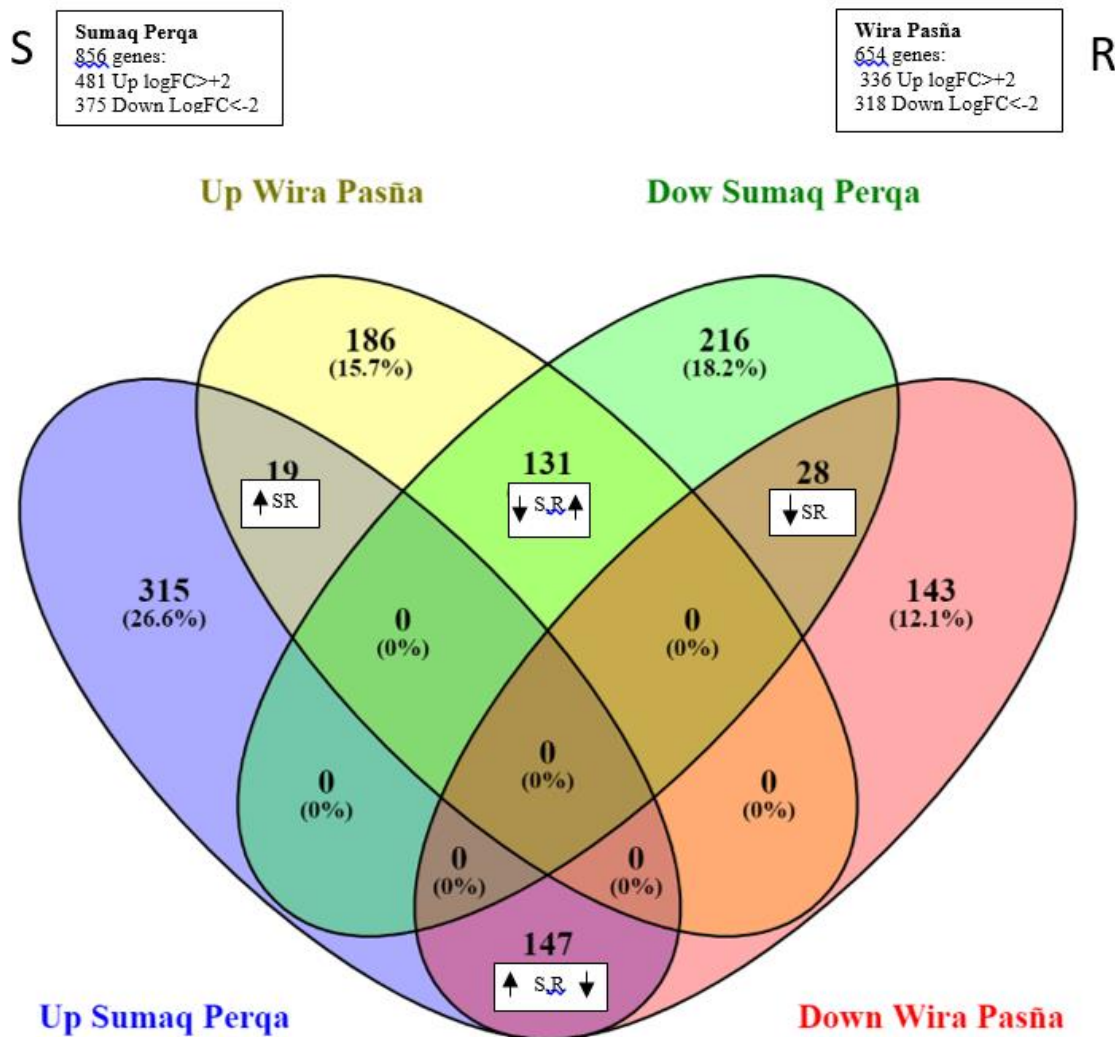


Figura 18: Genes agrupados, en Diagrama de Venn-Euler, sobre-expresados (Up) y sub-expresados (Down) en cada accesión de *S. goniocalix* a partir de lo expresado diferencialmente en forma individual por estímulo del patógeno (*Phytophthora infestans* POX-067) a 48 hpi.

En base al análisis y comparación de la expresión diferencial, considerando solo el efecto de los tratamientos, con estímulo del patógeno (*Phytophthora infestans* POX 67) (48 hpi) y ausencia de dicho estímulo (00 hpi), en cada una de las dos accesiones de *Solanum goniocalix* (Wira Pasña resistente y Sumaq Perca susceptible), se ha obtenido genes expresados diferencialmente en cada accesión al comparar con el control. Estos resultados nos permite aceptar la hipótesis planteada, la ocurrencia de genes con expresión diferencial en la accesión resistente Wira Pasña; de un total de 654 genes, por estímulo de *P. infestans* se sobre-expresan 186 genes y se sub-expresan 143 genes únicamente en la accesión resistente. Además, de 131 genes que en la accesión resistente se sobre-expresan y los mismos se sub-expresan en la

accesión susceptible; y 147 genes que se sobre-expresan en la accesión susceptible y los mismos se sub-expresan en la accesión resistente. Probablemente estos cuatro grupos de genes (186, 143, 131 y 147) que suman 607 genes diferencialmente expresados, son los que confieren el carácter de resistente a la accesión Wira Pasña y 809 genes (315,147, 216 y 131), el carácter de susceptible a Sumaq perqa, contra *Phytophthora infestans*.

b. Efecto de las accesiones de papa + patógeno en la expresión diferencial de genes

- **Efecto de las accesiones de papa en la expresión diferencial de genes entre wira pasña resistente vs sumaq perqa susceptible, sin estímulo del patógeno a 00 hpi (EDG-RS-00)**

Al comparar los transcriptomas de las dos accesiones de papa *Solanum goniocalix* sin el estímulo del patógeno, entre accesión resistente Wira Pasña y la accesión susceptible Sumq Perqa, a 00 hpi, resultaron 400 genes diferencialmente expresados en la accesión Wira Pasña (Anexo 14). Dichos genes son los que diferencian transcriptómicamente a Wira Pasña de Sumaq Perqa cuando no están estimulados por el patógeno (00 hpi). En la Figura 19, se muestra la distribución de los genes expresados con Log2FC de 2 ($FDR \leq 0.001$), en los recuadros A (smearplot) y B (volcanoplot): los puntos de color azul representan a los genes diferencialmente sobre-expresados con $\log_2FC > +2$ y sub-expresados con $\log_2FC < -2$. En el Heatmap, recuadro C, se muestra la tendencia del agrupamiento de los 400 genes de la accesión Wira Pasña (resistente) en 4 clusters verticales con diferentes intensidades (heat) de expresión en las seis librerías a 00 hpi; tres corresponden a Wira Pasña (ROD, ROE y ROF) y otras tres, a Sumaq Perqa (SOJ, SOK y SOL). La intensidad de la expresión de los genes agrupados se relaciona con la intensidad del color, cuanto más oscuro más sobre-expresado (>E) el gen, y cuanto menos intenso el color hasta llegar a blanco los genes se expresan muy poco (<E).

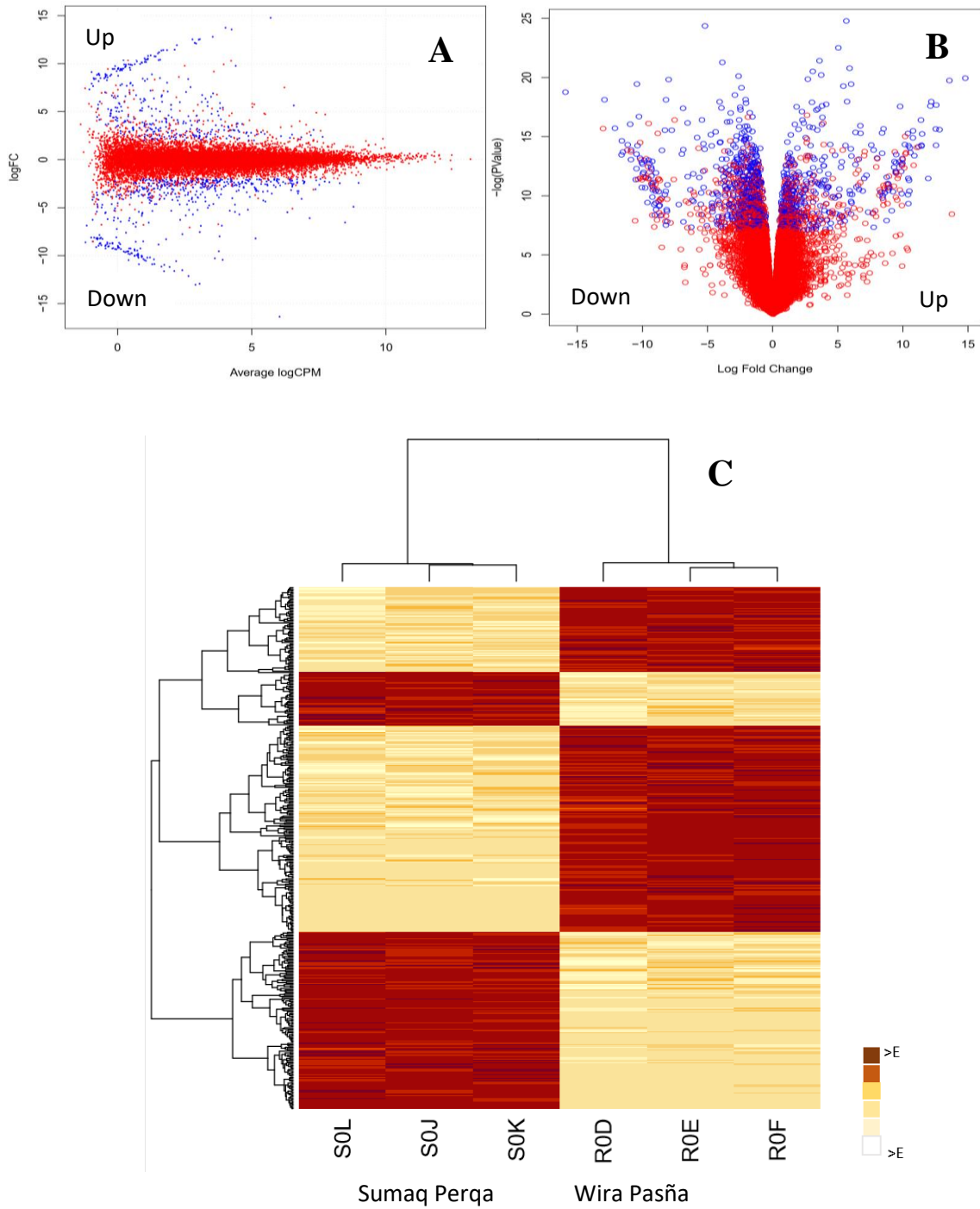


Figura 19: Perfil de expresión diferencial de 400 genes entre las accesiones resistente (R), Wira Pasña, vs accesión susceptible (S), Sumaq Perqa, sin estímulo del patógeno (*P. infestans*) a 00 hpi.

- **Efecto de las accesiones de papa + tratamiento en la expresión diferencial de genes, entre wira pasña resistente vs sumaq perqa susceptible con estímulo del patógeno a 48 hpi (EDG-RS-48)**

Al comparar los transcriptomas de las dos accesiones de *Solanum goniocalix* resistente (R) y susceptible (S), además estimuladas con *Phytophthora infestans* POX-067 a 48 hpi (efecto accesiones + tratamientos), resultaron 303 genes diferencialmente expresados en la accesión resistente (Anexo 15). Dichos genes son los que diferencian transcriptómicamente a Wira Pasña de Sumaq Perqa cuando están afectados por dos factores: Estimulado por el patógeno (48 hpi) y el efecto de las accesiones (Wira Pasña y Sumaq Perqa). La Figura 20 muestra la distribución de los genes expresados con Log2FC de 2 ($FDR \leq 0.001$). En el recuadro A (smearplot) y B (volcanoplot) los puntos de color azul representan a los genes sobre-expresados (Up) y sub-expresados (Down) diferencialmente. En el recuadro C (Heatmap), se muestra la tendencia del agrupamiento de los 303 genes diferenciales en 3 clusters verticales con diferentes intensidades (heat) de expresión en las librerías de Sumaq Perqa (S48G, S48H y S48I) y Wira Pasña (R48A, R48B y R48C) a 48 hpi. De los tres clusters, se diferencia dos grupos de genes que se sobre-expresan y un grupo que se sub-expresan en la accesión resistente por el efecto combinado de los factores accesiones más tratamiento (patógeno). La intensidad de la expresión de los genes agrupados se relaciona con la intensidad del color. Cuanto más oscuro más sobre-expresado ($>E$) el gen, y cuanto menos intenso hasta llegar a blanco los genes se expresan muy poco ($<E$).

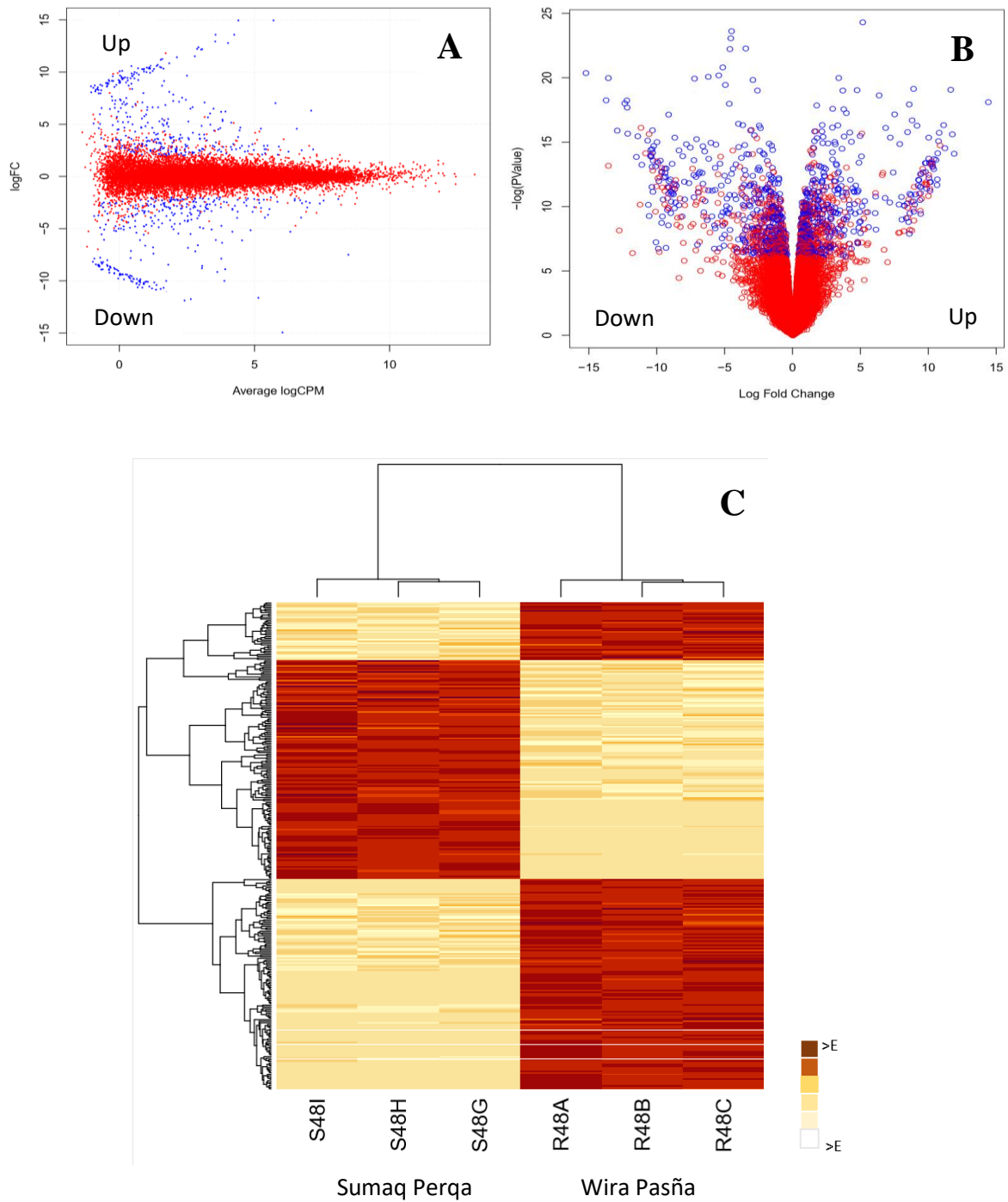


Figura 20: Perfil de expresión diferencial de 303 genes entre la accesión resistente (R), Wira Pasña, por el efecto combinado de accesiones (Sumaq Perqa y Wira pasña) más el efecto del tratamiento (patógeno *Phytophthora infestans* a 48 hpi).

- **Cuantificación de genes diferencialmente expresados por el efecto combinado accesiones+patógeno (EDG-RS 48 hpi) y el efecto accesiones (EDG-RS-00 hpi)**
El resultado de la cuantificación global, del conjunto formado por 303 genes expresados diferencialmente por el efecto combinado (mostrados en el resultado

EDG-RS-48) y los 400 genes expresados por efecto de las accesiones (mostrados en el resultado EDG-RS-00), se presenta en el diagrama de Venn-Euler de la Figura 21. Se observa que en la accesión resistente Wira Pasña son 77 genes únicos expresados diferencialmente, estimulados por el efecto combinado accesiones + tratamiento (A+T) a 48 hpi. Son 174 genes únicos expresados diferencialmente por el efecto de las accesiones (A) a 00 hpi. En tanto que, son 226 genes (intersección) que se expresan estimulados por el efecto combinado accesiones+patógeno (T,A) y también por el efecto accesiones (A). En la figura 22 se muestra el análisis de cuantificación con más detalles.

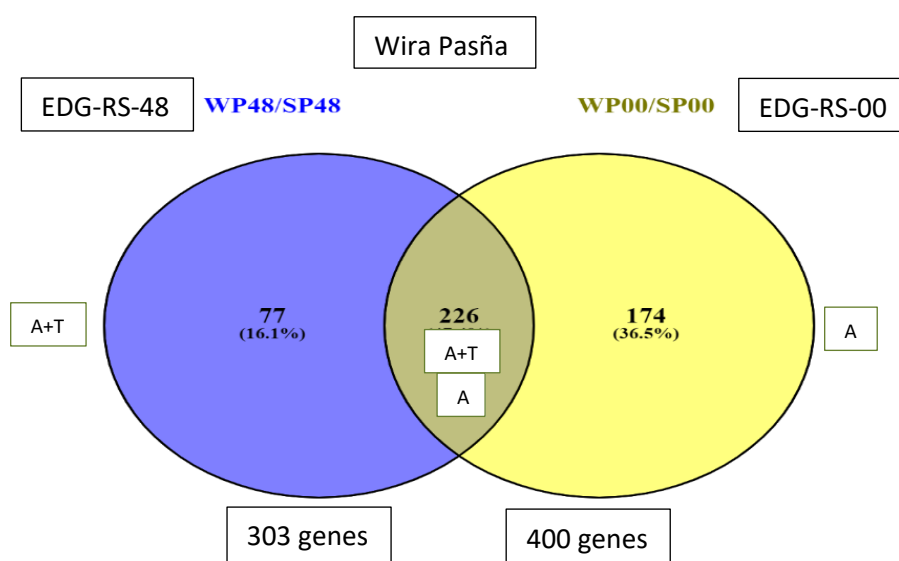


Figura 21: Diagrama de Venn-Euler de los genes expresados diferencialmente en Wira Pasña por el efecto combinado de accesiones (A) de *S. goniocalix* y tratamientos (T) a 48 hpi,

El efecto combinado accesiones+patógeno (A+T), a 48 hpi, estimuló a 303 genes expresarse diferencialmente en la accesión resistente Wira Pasña, de ellos 136 genes (Figura 22, todo el conjunto azul) están sobre-expresados ($\text{Log}_2\text{FC} > +2$, $\text{FDR} \leq 0.001$), aunque 101 de estos genes se sub-expresan a 00 hpi; de este grupo son 35 genes únicamente sobre-expresados (subconjunto azul). Además, son 167 genes (conjunto verde) sub-expresados ($\text{Log}_2\text{FC} > -2$, $\text{FDR} \leq 0.001$) y de este último grupo, 42 genes únicamente sub-expresados (subconjunto verde) en la accesión resistente por el efecto (A+T).

El efecto de las accesiones (A) estimuló a 400 genes (Figura 22) expresados diferencialmente en la accesión resistente Wira Pasña a 00 hpi; de ellos, 177 genes (todo el conjunto amarillo) están sobre-expresados ($\text{Log}_2\text{FC} > +2$, $\text{FDR} \leq 0.001$), aunque 125 de estos genes se sobre-expresan a 48 hpi; de este grupo, solo 52 genes (sub conjunto amarillo) están únicamente sobre-expresados por el efecto accesión (A). Además, son 223 genes (conjunto rojo) sub-expresados ($\text{Log}_2\text{FC} > -2$, $\text{FDR} \leq 0.001$) y de este último grupo son 122 genes únicamente sub-expresados (sub conjunto rojo) por el efecto accesión (A).

En la accesión resistente Wira Pasña, se cuantificó 226 genes con expresión diferencial (subconjuntos con 101 y 125 genes) que se expresan en dirección opuesta por efecto de los factores accesiones (A) y accesiones+tratamiento (A+T). Los 101 genes diferenciales se sobre-expresan por el efecto combinado (A+T) y estos mismos se sub-expresan por el efecto accesión (A). En tanto que, los 125 genes están sobre-expresados por el efecto accesión (A) y se sub-expresan por estímulos del factor combinado (A+T) a 48 hpi.

Wira Pasña sobre
Sumaq Perqa a 48 hpi
303 genes
136 Up logFC>+2
167 Down logFC<-2

Wira Pasña

Wira Pasña sobre
Sumaq Perqa a 00 hpi
400 genes
177 Up logFC>+2
223 Down logFC<-2

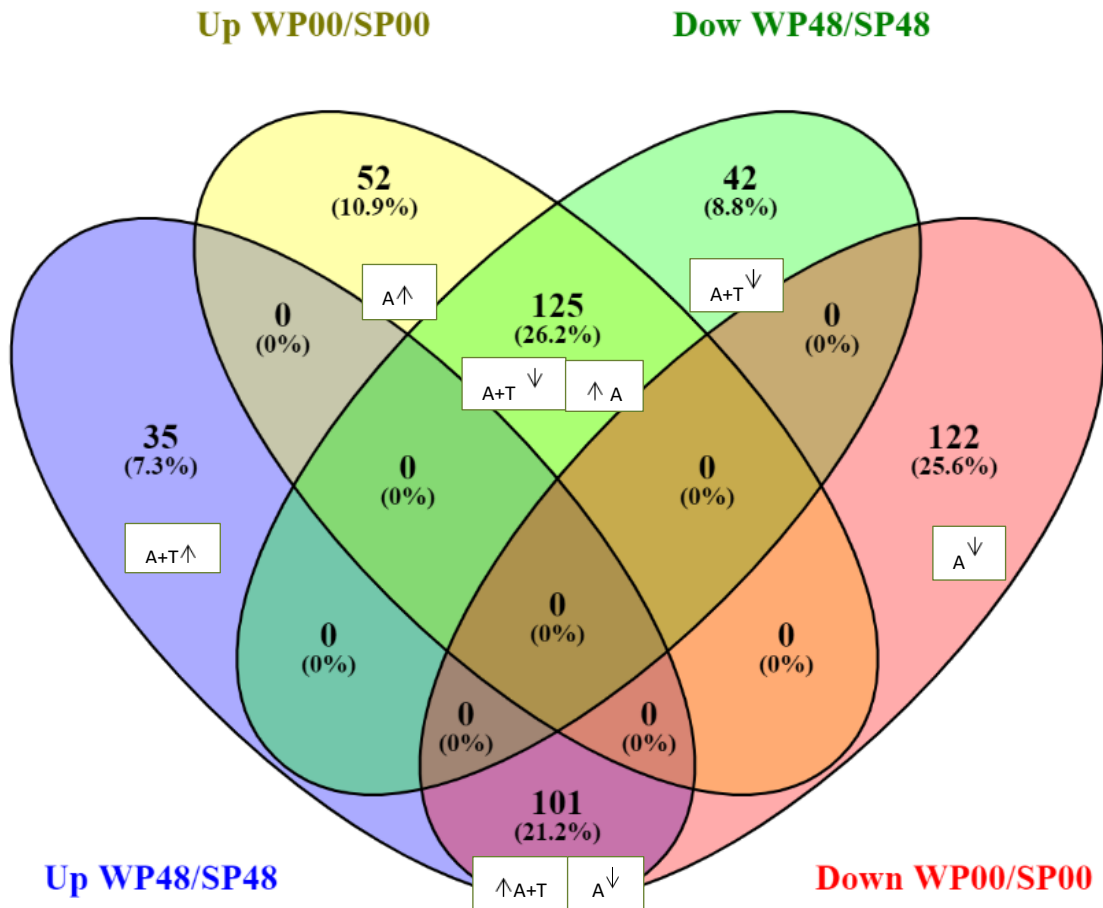


Figura 22: Genes agrupados, en Diagrama de Venn-Euler, sobre-expresados (Up) y sub-expresados (Down), representando a los expresados diferencialmente de Wira Pasña (resistente) estimulados por efecto combinado accesiones (A) y tratamientos (T) a 48 hpi.

La relación final de los genes seleccionados sobre y sub-expresados en el transcriptoma de *Solanum goniocalix* accesión resistente CIP-704270 (Wira Pasña), luego de compararlos considerando el efecto combinado (accesiones + tratamiento) a 48 hpi y el efecto accesiones (00hpi), con $\text{Log}_2\text{FC} \geq 2$, $\text{FDR} \leq 0.001$ se presenta en la Tabla 13; se cuantificó 303 genes relacionados con el proceso de resistencia a *P. infestans*. De lo analizado y considerando la dirección de su expresión diferencial se contabiliza 136 genes sobre-expresados (35 +101 genes) y 167 genes sub-expresados (42 +125 genes) como candidatos relacionados con la resistencia de *S. goniocalix* contra *P. infestans* con $\text{Log}_2\text{FC} > 2$ y $\text{FDR} \leq 0.001$ (Tabla 13). De ellos se puede identificar cuatro grupos de genes: Dos grupos de genes con respuestas diferenciales por efecto del tratamiento+accesión (T+A): 35 genes únicamente sobre-expresados y 42 genes únicamente sub-expresados a 48 hpi. Además, otros dos grupos, 101 y 125 genes que se sobre y sub-expresan en direcciones contrarias por el efecto combinado (A+T) y el efecto (A).

Tabla 13: Relación de 303 genes candidatos expresados diferencialmente en *Solanum goniocalix*, accesión resistente CIP-704270, Wira Pasña, a 48 hpi. otorgando resistencia contra *Phytophthora infestans* POX-67.

A+T	A+T	(A+T) down y (A) up	(A+T) Up y (A) down
35 genes exclusively in "Up WP48/SP48".	42 genes exclusively in "Dow WP48/SP48".	125 common elements in "Up Wp00/SP00" and "Dow WP48/SP48"	101 common elements in "Up WP48/SP48" and "Dow Wp00/SP00".
ENSRNA049458286	PGSC0003DMG400007547	PGSC0003DMG400031156	PGSC0003DMG400029752
PGSC0003DMG400001845	PGSC0003DMG400022355	PGSC0003DMG400002276	PGSC0003DMG400029822
PGSC0003DMG400036825	PGSC0003DMG400019506	PGSC0003DMG400005471	PGSC0003DMG400031547
PGSC0003DMG400040086	PGSC0003DMG400025333	PGSC0003DMG400003342	PGSC0003DMG400000655
PGSC0003DMG400025444	PGSC0003DMG400021270	PGSC0003DMG401015009	PGSC0003DMG4000025547
PGSC0003DMG400030149	PGSC0003DMG400016517	PGSC0003DMG400033641	PGSC0003DMG4000023485
PGSC0003DMG401028834	PGSC0003DMG400001681	PGSC0003DMG400026863	PGSC0003DMG4000011670
PGSC0003DMG400024005	PGSC0003DMG400009959	PGSC0003DMG400024829	PGSC0003DMG4000027639
PGSC0003DMG400031371	PGSC0003DMG400031822	PGSC0003DMG400021289	PGSC0003DMG400037701
PGSC0003DMG400031320	PGSC0003DMG400006737	PGSC0003DMG400020153	PGSC0003DMG4000038425
PGSC0003DMG400031989	PGSC0003DMG400031521	PGSC0003DMG401007871	PGSC0003DMG4000002886
PGSC0003DMG401031172	PGSC0003DMG400003544	PGSC0003DMG400028793	PGSC0003DMG400028877
PGSC0003DMG400021882	PGSC0003DMG400012174	PGSC0003DMG400018462	PGSC0003DMG400004979
PGSC0003DMG4040008678	PGSC0003DMG401014864	PGSC0003DMG402017380	PGSC0003DMG400031274
PGSC0003DMG400005060	PGSC0003DMG400020139	PGSC0003DMG400007271	PGSC0003DMG400031277
PGSC0003DMG400034736	PGSC0003DMG400024644	PGSC0003DMG400000862	PGSC0003DMG4000021749
PGSC0003DMG401022140	PGSC0003DMG400010427	PGSC0003DMG400028707	PGSC0003DMG400034093
PGSC0003DMG4000310867	PGSC0003DMG400002091	PGSC0003DMG401032501	PGSC0003DMG400036554
PGSC0003DMG400003346	PGSC0003DMG400016518	PGSC0003DMG400029504	PGSC0003DMG400031279
PGSC0003DMG400006727	PGSC0003DMG400043507	PGSC0003DMG400013090	PGSC0003DMG400034710
PGSC0003DMG400015872	PGSC0003DMG400026872	PGSC0003DMG400027275	PGSC0003DMG400031275
PGSC0003DMG400014767	PGSC0003DMG400031557	PGSC0003DMG400027929	PGSC0003DMG4000026063
PGSC0003DMG401004946	PGSC0003DMG400004915	PGSC0003DMG400002408	PGSC0003DMG4000021397
PGSC0003DMG402015976	PGSC0003DMG400029362	PGSC0003DMG403029631	PGSC0003DMG4000025418
PGSC0003DMG401021681	PGSC0003DMG400022083	PGSC0003DMG402025828	PGSC0003DMG400042297
PGSC0003DMG400003936	PGSC0003DMG400026864	PGSC0003DMG400028793	PGSC0003DMG4000034258
PGSC0003DMG400017330	PGSC0003DMG400024377	PGSC0003DMG400003446	PGSC0003DMG4000024277
PGSC0003DMG400005731	PGSC0003DMG400020370	PGSC0003DMG400020636	PGSC0003DMG4000027530
PGSC0003DMG400017508	PGSC0003DMG400027614	PGSC0003DMG401022708	PGSC0003DMG4000027638
PGSC0003DMG401037241	PGSC0003DMG401019771	PGSC0003DMG400006075	PGSC0003DMG400031032
PGSC0003DMG400007066	PGSC0003DMG400037627	PGSC0003DMG400038811	PGSC0003DMG400007450
PGSC0003DMG4000021831	PGSC0003DMG400031522	PGSC0003DMG402024222	PGSC0003DMG402028118
PGSC0003DMG400009326	PGSC0003DMG400015307	PGSC0003DMG400029128	PGSC0003DMG4000045937
PGSC0003DMG4000026556	PGSC0003DMG400021867	PGSC0003DMG400018290	PGSC0003DMG4000011724
PGSC0003DMG400006933	PGSC0003DMG400017277	PGSC0003DMG400021728	PGSC0003DMG400007654
	PGSC0003DMG400042128	PGSC0003DMG400031859	PGSC0003DMG4000040753
	PGSC0003DMG400006296	PGSC0003DMG400006722	PGSC0003DMG400007666
	PGSC0003DMG400016023	PGSC0003DMG400007605	PGSC0003DMG400002433
	PGSC0003DMG400018000	PGSC0003DMG401030815	PGSC0003DMG400031267
	PGSC0003DMG40002961	PGSC0003DMG400014299	PGSC0003DMG400002069
	PGSC0003DMG400010213	PGSC0003DMG401032256	PGSC0003DMG4000015727
		PGSC0003DMG400017240	PGSC0003DMG403029613
		PGSC0003DMG400002217	PGSC0003DMG401013738
		PGSC0003DMG400021247	PGSC0003DMG400003254
		PGSC0003DMG400021567	PGSC0003DMG400004465
		PGSC0003DMG400029132	PGSC0003DMG4000022859
		PGSC0003DMG400007639	PGSC0003DMG400031541
		PGSC0003DMG400033348	PGSC0003DMG4000024364
		PGSC0003DMG400024432	PGSC0003DMG4000024980
		PGSC0003DMG402017239	PGSC0003DMG4000024287
		PGSC0003DMG400017185	PGSC0003DMG400005590
		PGSC0003DMG400018822	PGSC0003DMG400008596
		PGSC0003DMG400031247	PGSC0003DMG400009859
		PGSC0003DMG400002658	PGSC0003DMG400031271
		PGSC0003DMG400016904	PGSC0003DMG400003345
		PGSC0003DMG400028435	PGSC0003DMG400017246
		PGSC0003DMG400007925	PGSC0003DMG400013109
		PGSC0003DMG400029801	PGSC0003DMG4000023762
		PGSC0003DMG400037235	PGSC0003DMG4001021841
		PGSC0003DMG400022744	PGSC0003DMG401029613
		PGSC0003DMG400019080	PGSC0003DMG4000002847
		PGSC0003DMG400021274	PGSC0003DMG400003357
		PGSC0003DMG400014588	PGSC0003DMG4000020377
		PGSC0003DMG400006632	PGSC0003DMG4000013559
		PGSC0003DMG401013613	PGSC0003DMG400014589
		PGSC0003DMG400005098	PGSC0003DMG400012950
		PGSC0003DMG400012172	PGSC0003DMG400009859
		PGSC0003DMG400017323	PGSC0003DMG4000024363
		PGSC0003DMG401025785	PGSC0003DMG4000031303
		PGSC0003DMG400037309	PGSC0003DMG400018253
		PGSC0003DMG400013170	PGSC0003DMG4000013109
		PGSC0003DMG401030805	PGSC0003DMG4000025181
		PGSC0003DMG400029129	PGSC0003DMG400001269
		PGSC0003DMG400037923	PGSC0003DMG4000021726
		PGSC0003DMG400021956	PGSC0003DMG400011517
		PGSC0003DMG400003127	PGSC0003DMG4000040759
		PGSC0003DMG400004730	PGSC0003DMG4000026566
		PGSC0003DMG400032516	PGSC0003DMG4000025686
		PGSC0003DMG400021822	PGSC0003DMG4000025772
		PGSC0003DMG400000996	PGSC0003DMG4000003380
		PGSC0003DMG400047102	PGSC0003DMG4000013109
		PGSC0003DMG400034531	PGSC0003DMG4000040510
		PGSC0003DMG400017452	PGSC0003DMG400012083
		PGSC0003DMG400013730	PGSC0003DMG4000023826
		PGSC0003DMG400016067	PGSC0003DMG402031520
		PGSC0003DMG400023479	PGSC0003DMG4000033478
		PGSC0003DMG400016045	PGSC0003DMG400017234
		PGSC0003DMG402032256	PGSC0003DMG400030581
		PGSC0003DMG400015071	PGSC0003DMG400002457
		PGSC0003DMG400009169	PGSC0003DMG400018320
		PGSC0003DMG402023368	PGSC0003DMG4000022699
		PGSC0003DMG400008628	PGSC0003DMG402018777
		PGSC0003DMG400019604	PGSC0003DMG400000325
		PGSC0003DMG400004600	PGSC0003DMG400012466
		PGSC0003DMG400027455	PGSC0003DMG4000026877
		PGSC0003DMG402012062	PGSC0003DMG400007469
		PGSC0003DMG400015480	PGSC0003DMG400005577
		PGSC0003DMG402007888	PGSC0003DMG400014369
		PGSC0003DMG400042461	
		PGSC0003DMG400016372	
		PGSC0003DMG400024134	
		PGSC0003DMG400035539	
		PGSC0003DMG401012062	
		PGSC0003DMG400015040	
		PGSC0003DMG400021985	
		PGSC0003DMG400013140	
		PGSC0003DMG401023369	
		PGSC0003DMG402016602	
		PGSC0003DMG400014286	
		PGSC0003DMG400019774	
		PGSC0003DMG400002523	
		PGSC0003DMG400013161	
		PGSC0003DMG400004683	
		PGSC0003DMG401024222	
		PGSC0003DMG400028085	
		PGSC0003DMG400021874	
		PGSC0003DMG400031515	
		PGSC0003DMG400004599	
		PGSC0003DMG400022094	
		PGSC0003DMG400013036	

Los valores de los parámetros de selección (pValue, Log2FC y FDR) de los genes diferencialmente expresados permiten estimar cuán estricto es la selección de dichos genes. Gao *et al.* (2013) utilizando FDR<0.001 y con valores FPKM encontro 1,110 genes diferencialmente expresados en papa *Solanum tuberosum* transgénico “Russet Burbank”, línea WT y SP2211 (susceptible y resistente respectivamente) inoculado con *Phytophthora infestans* cepa US940480. De ellos, se encontraron en la accesión resistente, 17 genes diferencialmente expresados a 48 hpi. Ninguno de los genes reportados coinciden con los que hemos encontrado en *Solanum goniocalix* accesión resistente Wira Pasña, posiblemente por la diferencia de método de análisis de datos, ellos con FPKM y el nuestro con CPM, además por la diferencia de especies, a la que se suma la condición 4X de “Russet Burbank” y 2X de Wira Pasña. Tambien, Gao y Bradeen (2016) analizando con FDR<0.01 para hojas y FDR <0.001 para tubérculos y con valores FPKM evaluó la expresión diferencial de papas transgénicas a 00, 6, 24 y 48 hpi estimuladas con *Phytophthora infestans* a nivel de tubérculos y hojas, reportó genes diferenciales en tubérculos (1102 genes) y en hojas (475 genes), con 13 genes de alta expresión: 4 genes en hojas (PGSC0003DMG400001419, PGSC0003DMG400012274, PGSC0003DMG400014368 y PGSC0003DMG400024991) y 5 genes en tubérculos (PGSC0003DMG400002930, PGSC0003DMG400018916, PGSC0003DMG400009399, PGSC0003DMG400029967 y PGSC0003DMG400030843), además de 4 genes que siempre se expresan en hojas o tubérculos (PGSC0003DMG400002292, PGSC0003DMG400011633, PGSC0003DMG400014880 y PGSC0003DMG400014013). Ninguno de los 13 genes citados se encuentran reportados en nuestros resultados a 48 hpi en *Solanum gonocalix* posiblemente por la diferencia de genomas evaluados, además hay que considerar que nuestros parámetros de selección fueron más exigentes (pValue \leq 0.0001 y FDR < 0.001).

Incluso hay análisis con FDR de 5%, como el de Massa *et al.* (2013) con FDR<0.05 y utilizando hojas de *Solanum phureja* DM1-3 516 R44 inoculadas a 24, 48 y 72 horas con *Phytophthora infestans*, la expresión diferencial génica fue calculado con los software Cuffdiff y Cufflink (Trapnell *et al.* 2010) en FPKM. Reportaron datos globales, como 18428 transcritos diferenciales totales, 13333 transcritos expresados en el tratamiento con el patógeno inoculado, 14183 genes en el control y 1219 genes

expresados diferencialmente. Goyer *et al.* (2015) seleccionaron genes con expresión diferencial considerando el pValue < 0.001 con valores FPKM y FDR < 0.05, cuando evaluaron el ARN-seq de papa (*Solanum tuberosum*), variedades Premier Russet y Russet Burbank (resistente y susceptible respectivamente) durante la etapa temprana de infección viral (PVY).

El análisis de expresión diferencial de este estudio se realizó con el parámetro $\text{Log}_2\text{FC} > 2$, lo que significa que estamos seleccionando genes con más del cuádruple de expresión respecto al control. Sin embargo hay reportes de estudios con logFC de 1, como el de Yogendra y Kushalappa (2016), quienes evaluaron papas tetraploides genotipos resistentes (F06025 y F06037) y susceptible (Russet Burbank) a *Phytophthora infestans* (linaje US-8, A2-1661 de Canadá). Las hojas inoculadas fueron cosechadas a 48 hpi. El análisis de la expresión diferencial de genes lo realizaron con DEseq, $\text{FDR} < 0.05$ y $\text{log}_2\text{FC} \geq 1$, con los cuales detectaron un total de 53302, 52958 y 52402 transcritos en los dos accesiones resistentes (F06025 and F06037) y susceptible (Russet Burbank) respectivamente, con un promedio de 80% del total de transcritos anotados al genoma de referencia. De ellos, 2063 genes diferencialmente expresados (784 up regulados y 1279 down regulados) en la accesión F06025, y 2153 genes (655 up regulados y 1498 down regulados) en la accesión F06037. No utilizamos la valla de $\text{logFC} \geq 1$, por que con este valor estaríamos seleccionado genes con solo doble expresión, el cual es muy bajo, y con la probabilidad de seleccionar genes con bajo nivel de expresión.

Por lo tanto, basado en el análisis de expresión diferencial ($\text{Log}_2\text{FC} > 2$ y $\text{FDR} \leq 0.05$), considerando ambos efectos (accesiones y patógeno) y los antecedentes referidos, nos permite considerar que los mecanismos genéticos de resistencia en *Solanum goniocalix* (Wira Pasña) tendría características propias en esta especie y probablemente involucran al menos a 303 genes en el proceso de resistencia a *P. infestans* POX 067. De ellos, considerando la dirección de su expresión diferencial 136 genes se sobre-expresan y 167 genes se sub-expresan para conferir resistencia.

4.4. ANÁLISIS DE ENRIQUECIMIENTO GO (GENE ONTOLOGY)

Para obtener una visión general de la categoría funcional de los genes que participan en la respuesta a la infección con *Phytophthora infestans*, los 303 genes diferencialmente expresados (DEG) se sometieron a un análisis de enriquecimiento GO. Fueron analizados los DEGs sub-expresados, separado de los sobre-expresados de *Solanum goniocalix* accesión resistente CIP-704270 (Wira Pasña)

Los 167 DEGs sub-expresados fueron enriquecidos en las tres categorías principales del GO (Anexo 16). La Figura 23 muestra los 65 genes que corresponden a términos de proceso biológico (GO.BP), 20 a componente celular (GP.CC) y nueve enriquecidos a función molecular (GO.MF).

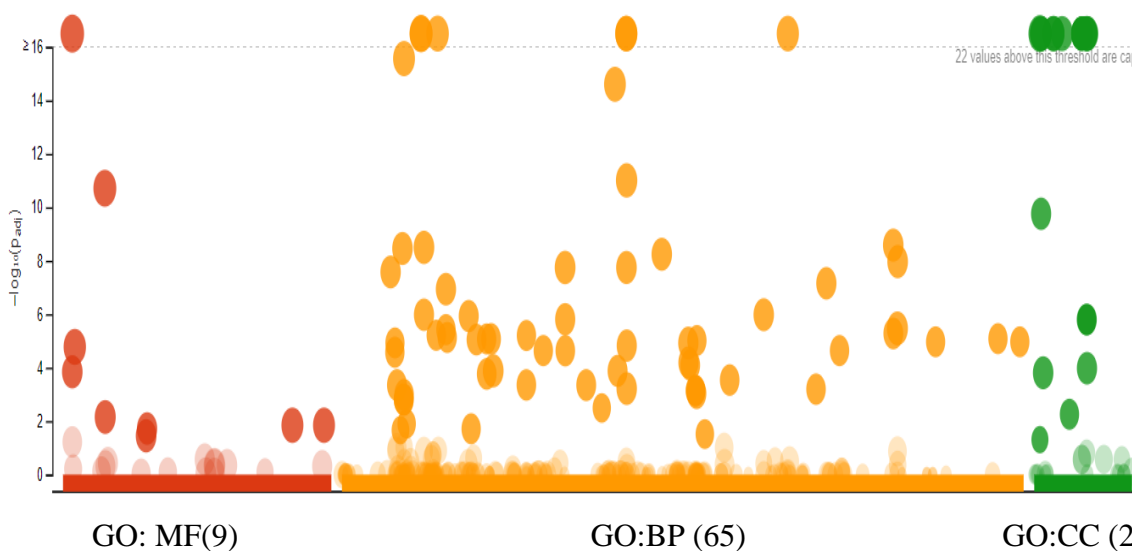


Figura 23: Resultado del análisis de enriquecimiento GO (Gene Ontology), utilizando g:Profiler, de los 167 DEGs sub-expresados de *Solanum goniocalix* CIP-704270, (Wira Pasña).

En la categoría función molecular, la función de unión (binding) (GO:0003674) resultó con la más alta significación ($P_{adj} = 1.937 \times 10^{-11}$), seguido de las funciones de actividad catalítica (GO:0003824) y unión de ácidos nucleicos (nucleic acid binding) (GO:0003676) ($p_{adj} = 1.668 \times 10^{-5}$ y 1.432×10^{-4} respectivamente). Las otras funciones moleculares resultaron con valores menos significativos.

Para la categoría proceso biológico, el proceso metabólico (GO:0008152) y el proceso celular (GO:0009987) fueron los grupos con más alta significación (ambos con Padj, 1.006×10^{-31}). Luego los procesos metabólicos de sustancias orgánicas (GO:0071704), procesos metabólicos primarios (GO:0044238), proceso metabólico celular (GO:0044237), procesos metabólicos de compuestos nitrogenados (GO:0006807), procesos metabólicos de macromoléculas (GO:0043170) y procesos metabólicos de macromoléculas celular (GO:0044260) tuvieron alta significación en el rango de Padj. 1.547×10^{-26} a 9.836×10^{-12} . Los otros procesos biológicos resultaron menos significativos.

En la categoría componentes celulares, componentes de membrana (GO:0005623) tuvo alta significación (Padj. 4.119×10^{-30}), seguido del componente intracelular (GO:0005622), componentes intrínsecos de la membrana, organelos (GO:0031224), orgánulo intracelular unido a la membrana (GO:0043231) tuvieron Padj. en rango de 2.178×10^{-26} a 2.425×10^{-22} . Los otros componentes celulares resultaron menos significativos.

Los 136 DEGs sobre-expresados fueron enriquecidos en las tres categorías principales del GO (Anexo 17). La Figura 24 muestra a los 46 genes que corresponden a términos de proceso biológico (GO.BP), 15 a componente celular (GO.CC) y 16 enriquecidos a función molecular (GO.MF).

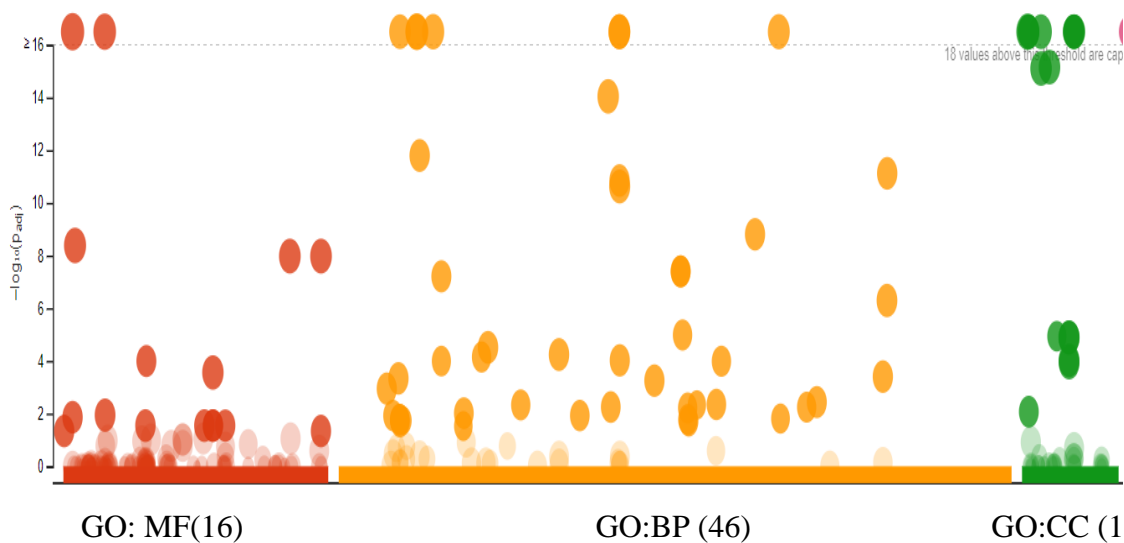


Figura 24: Resultado del análisis de enriquecimiento GO (Gene Ontology), utilizando g:Profiler, de los 136 Up DEG de *Solanum goniocalix* CIP-0777, (Wira Pasña).

En la categoría función molecular, la función de pegado (binding) (GO:0005488) resultó con la más alta significación (P_{adj.} 1.937×10^{-17}), seguido de las funciones de actividad catalítica (GO:0003824), pegado de componentes heterocíclicos (GO:1901363) y componentes de ciclos orgánicos (GO:0097159) con P_{adj.} en rango 4.131×10^{-9} a 1.047×10^{-8} , y la función actividad hidrolasa (GO:0016787) con P_{adj.} de 1.011×10^{-4} . Las otras funciones moleculares resultaron menos significativas.

Para la categoría proceso biológico, el proceso metabólico (GO:0008152) y el proceso celular (GO:0009987) fueron los grupos con más alta significación (P_{adj.} 1.574×10^{-39} y 1.202×10^{-32} respectivamente). Luego los procesos celulares (GO:0009987), procesos metabólicos de sustancias orgánicas (GO:0071704), procesos metabólicos primarios (GO:0044238), proceso metabólico celular (GO:0044237), procesos metabólicos de compuestos nitrogenados (GO:0006807), procesos metabólicos de macromoléculas (GO:0043170) y procesos de biosíntesis (GO:0009058) tuvieron alta significación en el rango de P_{adj.} 1.202×10^{-32} a 1.587×10^{-12} . Los otros procesos biológicos resultaron menos significativos.

En la categoría componentes celulares, componentes celulares (GO:0044464) y el componente intracelular (GO:0005622) tuvieron alta significación (P_{adj.} 1.703×10^{-36} y 1.359×10^{-31} respectivamente), seguido por componentes intracelulares (GO:0044424), membrana (GO:0016020), componentes intrínsecos de la membrana (GO:0031224) con P_{adj.} en rango 1.703×10^{-30} y 1.359×10^{-16} . Los otros componentes celulares resultaron menos significativos. También Yang *et al.* (2018) encontró el término membrana (GO:0016020) con mayor DEGs, además de seis términos GO de respuesta a inmunidad y dos términos GO de tipo respuesta de hipersensibilidad en la categoría de procesos biológicos y en categoría de función molecular encontraron siete términos GO significativos.

4.5. ANÁLISIS DE ENRIQUECIMIENTO DE RUTAS METABÓLICAS KEGG (KYOTO ENCYCLOPEDIA OF GENES AND GENOMES)

KEGG sirve como una plataforma básica para el análisis sistemático de la función génica en términos de redes o rutas metabólicas de productos génicos. Fue utilizado para identificar las vías biosintéticas que están activas en la papa *Solanum goniocalix* CIP-704270 (Wira Pasña) infectada con *Phytophthora infestans* POX-67.

De la anotación de 167 DEGs sub-expresados en KEGG, las principales rutas con alta significación fueron las rutas metabólicas (KEGG:01100) y la ruta de biosíntesis de metabolitos secundarios (KEGG:01110) con P_{adj} 9.849×10^{-31} y 4.873×10^{-12} respectivamente. También resaltan las rutas significativas, de señales de transducción de hormonas vegetales (KEGG:04075) y la ruta de spliceosome (KEGG:03040) con p_{adj} de 2.458×10^{-3} y 2.022×10^{-2} respectivamente. Las otras rutas resultaron no significativas.

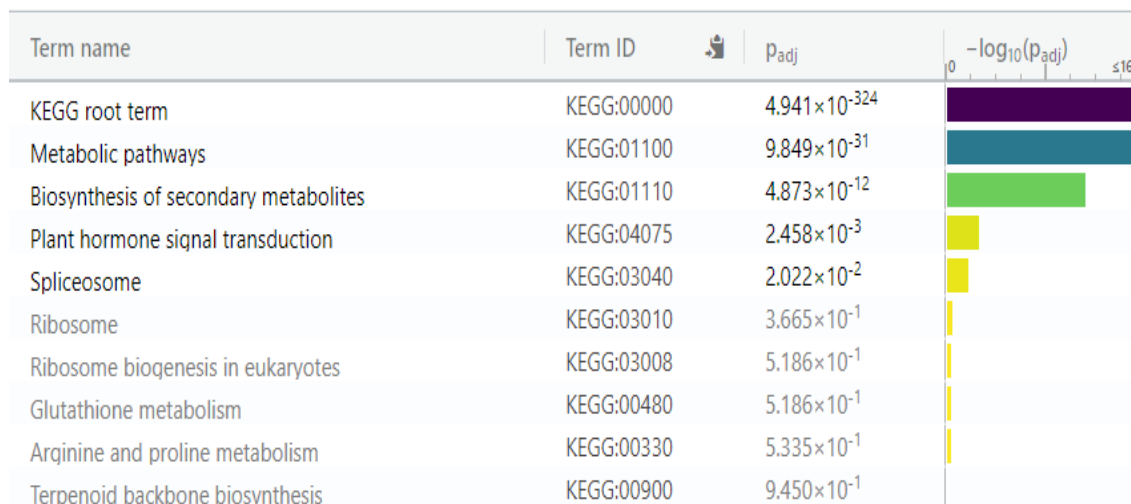


Figura 25: Resultado del análisis de enriquecimiento de rutas KEGG, utilizando g:Profiler, de los 167 DEGs sub-expresados en *Solanum goniocalix* CIP-0777, (Wira Pasña). Se consideran significativos aquellos con $P_{adj} < 0.05$.

De los 136 genes DEGs sobre-expresados que fueron anotados al KEGG, dos principales rutas enriquecidas fueron altamente significativas, las rutas metabólicas (KEGG:01100) y la ruta de biosíntesis de metabolitos secundarios (KEGG:01110) con P_{adj} 2.123×10^{-31} y 3.027×10^{-12} respectivamente. También se visualizó la ruta de interacción planta-patógeno (KEGG:04626) con p_{adj} de 3.114×10^{-1} no significativo. Las otras rutas también resultaron no significativas.

Term name	Term ID	P _{adj}	$-\log_{10}(P_{adj})$
KEGG root term	KEGG:00000	4.941×10^{-324}	
Metabolic pathways	KEGG:01100	2.123×10^{-31}	
Biosynthesis of secondary metabolites	KEGG:01110	3.027×10^{-12}	
Plant-pathogen interaction	KEGG:04626	3.114×10^{-1}	
Nucleotide excision repair	KEGG:03420	9.928×10^{-1}	
Folate biosynthesis	KEGG:00790	9.928×10^{-1}	
DNA replication	KEGG:03030	9.928×10^{-1}	
RNA polymerase	KEGG:03020	9.928×10^{-1}	
Zeatin biosynthesis	KEGG:00908	9.928×10^{-1}	
Inositol phosphate metabolism	KEGG:00562	9.928×10^{-1}	
Homologous recombination	KEGG:03440	9.928×10^{-1}	
Terpenoid backbone biosynthesis	KEGG:00900	9.928×10^{-1}	
Mismatch repair	KEGG:03430	9.928×10^{-1}	

Figura 26: Resultado del análisis de enriquecimiento de rutas KEGG, utilizando g:Profiler, de los 136 DEGs sobre-expresados en *Solanum goniocalix* CIP-704270, (Wira Pasña). Se consideran significativos aquellos con $P_{adj} < 0.05$.

Gao y Bradeen (2016) evaluaron con ARNseq el transcriptoma de *Solanum tuberosum* transgénico a 0, 6 y 24 hpi en follaje, reveló un total de 475 genes diferencialmente expresados entre inoculados con agua y *P. infestans*, las rutas de metabolismo secundario, hormonas (Etileno y Jasmónico) y peroxidasas fueron significativamente sobre-expresados. También, estudios transcriptómicos en *Citrus* estresado con *Phytophthora parasítica* (Naveed *et al.* 2019) las anotaciones KEGG reportaron rutas altamente significativas a las metabólicas, biosíntesis de metabolitos secundarios, señales de transducción de hormonas, además de señales de interacción Planta-patógeno. Las señales de transducción de hormonas vegetales, auxina, citoquinina y giberelina fueron sub-expresados, mientras que rutas para Etileno, ácido absísico, ácido jasmónico y ácido salicílico fueron sobre-expresados. En nuestro estudio de *Solanum goniocalix* estresado con *Phytophthora infestans* POX 067 las rutas para señales de transducción de hormonas fueron significativos para genes sub expresados en presencia del patógeno, mientras que las rutas para biosíntesis de metabolitos secundarios resultó altamente significativo tanto para genes sub-expresados como para sobre-expresados (Figura 26).

4.6. IDENTIFICACIÓN DE GENES CANDIDATOS ESPECÍFICOS DE *Solanum goniocalix* CIP- PARA RESISTENCIA CONTRA *Phytophthora infestans* POX67

La asignación funcional de los 303 DEGs involucrados en la resistencia de *Solanum goniocalix* CIP-704270 (Wira Pasña) a la infección de *Phytophthora infestans* POX-67 se encuentra en los Anexos 18 y 19, correspondientes a los 167 DEGs sub-expresados y 136 DEGs sobre-expresados respectivamente.

De acuerdo al análisis de enriquecimiento de los 167 genes sub-expresados a 48 hpi, se encontró diez genes (Tabla 14) relacionados con la resistencia a patógenos en general: Un gen para resistencia a virus tipo Tospovirus PGSC0003DMG402016602, un gen a bacterias (PGSC0003DMG401012062), cuatro genes para proteínas de resistencia tipo NBS-LRR (PGSC0003DMG401007871, PGSC0003DMG400007605, PGSC0003DMG400002217 y PGSC0003DMG400007870), dos genes (PGSC0003DMG400016372 y PGSC0003DMG400018462) para proteínas que confiere resistencia a enfermedades y un gen PGSC0003DMG400005471 de tipo RLK, y un gen PGSC0003DMG402024222 para “BRASSINOSTEROID INSENSITIVE 1-associated receptor kinase”.

Entre los diez genes identificados con expresión diferencial, cuatro corresponde a la familia de genes NBS-LRR, uno tipo RLK, además de un gen para “BRASSINOSTEROID INSENSITIVE 1-associated receptor kinase” que se encontraban sobre-expresados a 00 hpi y en presencia del patógeno *Phytophthora infestans* a 48 hpi se sub-expresaron (Tabla 14), los diez genes son consideramos genes candidatos para conferir resistencia a *Solanum goniocalix* contra *Phytophthora infestans*.

Los genes del dominio NBS-LRR (nucleotide binding site, leucine-rich repeats) están relacionadas con las proteínas R de resistencia. Las proteínas R son responsables para el reconocimiento de proteínas del patógeno llamados efectores, los cuales permiten la reacción de hipersensibilidad previniendo la infección, incluyendo genes de papa para resistencia a “late blight”, como lo resalta Stefańczyk *et al.* (2017), quienes evaluaron cruzamientos entre *Solanum tuberosum* cv. Sárpo Mira, la expresión diferencial de dos genes R (*Rpi-10 Smiral* y *Rpi-phu1*). Los genes PR (pathogenesis-related proteins) clasificados en 17 familias (Shi *et al.* 2011), es descrito por Evers *et al.* (2005, 2006) quienes aislaron y caracterizaron genes R del tipo PR de *Solanum phureja* para resistencia a “late blight” en

condiciones de campo. Ellos evaluaron mRNA de genes PR-1 en dos cultivares de papa contrastantes para resistencia, ratificaron el rol de PR-1 para la resistencia en campo contra “late blight”. Nosotros reportamos cinco genes R del dominio NBS-LRR, cuatro se sub-expresaron y uno se sobre-expresó estimulados por *P. infestans*, probablemente dichos genes permiten la reacción de hipersensibilidad previniendo la infección; Además en Anexo 19 se reportaron dos genes Rpi-vnt1 (PGSC0003DMG400024364 y PGSC0003DMG400024363). Genes ancestrales Rpi de papa silvestre *Solanum bulbocastanum* son mostrados por van der Vossen *et al.* (2003) que confieren amplia resistencia contra *Phytophthora infestans*.

Yang *et al.* (2018) encontraron genes diferencialmente expresados del tipo RLK, al realizar estudios de ARNseq en papa tetraploide, sugieren que estos RLKs son importantes genes de receptores de reconocimiento planta-patógeno en las etapas tempranas del ataque de *Phytophthora* a la papa genotipo SD20; nosotros reportamos al gen PGSC0003DMG400005471 del tipo RLK.

Tabla 14: Relación de genes candidatos sub-expresados, relacionados con la resistencia de *Solanum goniocalix* CIP-704270 (Wira Pasña) a *Phytophthora infestans* POX-67, a 48 hpi. Anotados utilizando g:Profiler y la base de datos de PGSC_GENES

ID del gen	Descripción	Log2FC	Log2FC	FDR
		00 hpi	48 hpi	
PGSC0003DMG402016602	Tospovirus resistance protein C	8.20	-11.12	1x10 ⁻⁴
PGSC0003DMG401007871	NBS-LRR protein	2.22	-2.35	1x10 ⁻⁵
PGSC0003DMG400007605	NBS-LRR protein	6.03	-6.95	5x10 ⁻⁵
PGSC0003DMG400002217	NBS-LRR resistance protein	5.57	-5.67	5x10 ⁻⁵
PGSC0003DMG400007870	NBS-LRR protein	5.28	-5.93	7x10 ⁻⁵
PGSC0003DMG400016372	Resistance protein PSH-RGH7	6.70	-7.64	2x10 ⁻⁴
PGSC0003DMG401012062	Bacterial spot disease resistance protein 4	8.39	-8.48	7x10 ⁻⁵
PGSC0003DMG400018462	Disease resistance protein	3.77	-4.26	5x10 ⁻⁶
PGSC0003DMG400005471	RLK_6-phosphoglucono-lactonase	3.71	-2.38	4x10 ⁻⁵
PGSC0003DMG402024222	Brassinosteroid insensitive 1-associated receptor kinase	3.75	-4.67	1x10 ⁻⁵

También, del análisis de enriquecimiento de los 136 DEGs sobre-expresados a 48 hpi, resaltan diez genes relacionados con la resistencia de *Solanum goniocalix* contra *P. infestans* (Tabla 15). De ellos un gene (PGSC0003DMG400008596) de la familia de proteínas de resistencia NBS-LRR, dos genes (PGSC0003DMG400025547 y

PGSC0003DMG400003380) a proteínas de resistencia contra “Late blight”, el gen PGSC0003DMG400005590 para proteína de resistencia a enfermedades en general, el gen PGSC0003DMG400002427 para proteína4 de resistencia contra enfermedad bacteriana, tres genes (PGSC0003DMG400031277, PGSC0003DMG400036554 y PGSC0003DMG400031279) para factores de traducción, un gen PGSC0003DMG400008593 para “Flavonoid glucoyltransferase UGT73E2” y el gen PGSC0003DMG400017234 para “Auxin-induced protein 5NG4”.

Entre los diez genes resaltan, uno para el gen NBS-LRR más dos genes para proteínas de resistencia contra “Late blight”, que se encontraban sub-expresados a 00 hpi, en presencia del patógeno *Phytophthora infestans* a 48 hpi se sobre-expresaron (Tabla 15). Estos diez genes los consideramos genes candidatos para conferir resistencia a *Solanum goniocalix* contra *Phytophthora infestans*.

Tabla 15: Relación de genes candidatos Sobre-expresados, relacionados con la resistencia de *Solanum goniocalix* CIP-704270 (Wira Pasña) a *Phytophthora infestans* POX-67, a 48 hpi anotados utilizando g:Profiler y la base de datos de PGSC_GENES

ID del gen	Descripción	Log2FC 00 hpi	Log2FC 48 hpi	FDR
PGSC0003DMG400008596	Cc-nbs-lrr resistance protein	-8.29	8.47	3x10 ⁻⁵
PGSC0003DMG400025547	Late blight resistance protein	-11.59	11.59	8x10 ⁻⁴
PGSC0003DMG400003380	Late blight resistance protein homolog R1A-4	-3.88	4.08	1x10 ⁻⁶
PGSC0003DMG400005590	Disease resistance protein	-7.54	7.32	2x10 ⁻⁴
PGSC0003DMG400002427	Bacterial spot disease resistance protein 4	-4.02	3.03	1x10 ⁻⁴
PGSC0003DMG400031277	F-box domain-containing protein	-10.0	10.01	2x10 ⁻⁴
PGSC0003DMG400036554	F-box protein	-9.48	9.48	1x10 ⁻⁴
PGSC0003DMG400031279	F-box domain-containing protein	-10.15	10.15	1x10 ⁻⁴
PGSC0003DMG400008593	Flavonoid glucoyltransferase UGT73E2	-4.25	5.90	1x10 ⁻⁴
PGSC0003DMG400017234	Auxin-induced protein 5NG4	-2.49	2.90	1x10 ⁻⁴

Considerando el nivel de expresión (Log2FC) a 00 hpi y a 48 hpi se identificó en total 20 DEGs que confieren resistencia en *Solanum goniocalix* contra *Phytophthora infestans*. De ellos, cuatro genes para “NBS-LRR resistance protein” se sub-expresan (Tabla 14) en presencia del patógeno y el gen PGSC0003DMG400008596 para “NBS-LRR resistance protein” se sobre-expresa en presencia del patógeno a 48 hpi (Tabla 15). Yang *et al.* (2018) al evaluar el perfil de expresión génica de *Solanum tuberosum* tetraploide, genotipo SD20,

para resistencia contra *Phytophthora infestans*, identificó cuatro genes NBS-LRR, de ellos dos genes (PGSC0003DMG400007999 y PGSC0003DMG400027797) para proteína de resistencia a enfermedades presentaron expresión diferencial sobre-expresada a las 48 hpi (Log2FC de 0.72 a 2.7 respectivamente), otros dos genes PGSC0003DMG402004425 y PGSC0003DMG400006800 estuvieron sub-expresados (Log2FC de -0.02 a -1.35 respectivamente) en presencia del patógeno a 48 hpi. Aunque son diferentes genes NBS-LRR en comparación con los identificados en el presente estudio, se evidencia que en *Solanum tuberosum* (Yang *et al.* 2018) algunos genes se sub-expresan y otros se sobre-expresan para la resistencia a *Phytophthora infestans*; de la misma manera como hemos encontrado para *Solanum goniocalix*.

Muchas evidencias basadas en cruzamientos y estudios en las descendencias indican que, el acervo genético de especies silvestres de *Solanum* contiene genes de resistencia. Spooner (1990) señala, basado en resultados de evaluaciones de resistencia a *P. infestans*, a muchas especies silvestres de papa como portadores de genes para resistencia específica y general (Killick y Malcolmson 1973), como *S. berthaulti*, *S. bulbocastanum*, *S. circaeifolium*, , *S. demisum*, *S. microdontum*, *S. phureja*, *S. pinnatisectum*, *S. polyadenium*, *S. stoloniferum*, *S. tarijense*, *S. tuberosum subsp. Andigena*, *S. vernei*, *S. verrucosum*. En el presente trabajo reportamos genes de *Solanum goniocalix*, en base al estudio de expresión diferencial de genes, a genes candidatos para resistencia general y específica sobre expresados a 48 hpi (Log2FC > 2 y FDR<0.001).

Dos genes específicos para “Late blight resistance protein” (PGSC0003DMG400025547, PGSC0003DMG400003380) y tres genes para factores de traducción “F-box protein” (PGSC0003DMG400031277, PGSC0003DMG400036554 y PGSC0003DMG400031279) se sobre-expresaron a 48 hpi (Tabla 15) en presencia del patógeno.

También, es importante resaltar que de 303 DEGs se tiene 103 genes con función desconocida (Gene of unknown function), probablemente sean genes propios de *Solanum goniocalix* CIP-704270 (Wira Pasña), de ellos 55 genes se sub-expresan y 48 genes se sobre-expresan en presencia de *Phytophthora infestans* a 48 hpi.

V. CONCLUSIONES

1. La diversidad genética de 144 PNL de la zona norte de Ayacucho es alta a nivel intra e interpoblacional, y cada una de las tres poblaciones de muestreo (Anco, Chungui y San José de Ticllas) constituyen poblaciones cerradas. Con 10 marcadores SSR se distinguieron 67 alelos SSR polimórficos, 14 genotipos únicos (3 en la población de Anco, 6 en Chungui y 5 en Ticllas) y 18 alelos únicos. Además, el 27.92 % de la diversidad alélica de los SSR está distribuido entre las tres poblaciones, mientras que el 72.08 % está distribuido dentro de las poblaciones. El índice de fijación F_{ST} promedio global fue de 0.279.
2. Del fenotipado de 20 accesiones de papa nativa por su reacción contra *Phytophthora infestans* POX-67, *in vitro* y asperjado en planta entera, se seleccionó a la especie *Solanum goniocalix* ($2n=2x=24$), accesiones Wira Pasña (CIP 704270) y Sumaq Perqa (CIP 703777) como resistente (AUDPC 0.2) y susceptible (AUDPC 7.9) respectivamente. La accesión Wira Pasña forma parte del pool genético del norte de Ayacucho y se encuentra entre las PNL del distrito de San José de Ticllas (código t72).
3. En el transcriptoma de *Solanum goniocalix*, accesión CIP-704270 resistente (Wira Pasña) se cuantificó 303 genes relacionados con el proceso de resistencia a *P. infestans* POX-67. Considerando la dirección de su expresión diferencial se contabilizó 136 genes sobre-expresados y 167 genes sub-expresados confiriendo resistencia a *S. goniocalix* contra *P. infestans* ($\text{Log}_2\text{FC} > 2$ y $\text{FDR} \leq 0.001$). De ellos, se identificaron cuatro grupos de genes con respuestas diferenciales: 35 genes únicamente sobre-expresados, 42 genes únicamente sub-expresados a 48 hpi por efecto del tratamiento+accesión (T+A), 101 genes sobre-expresados a 48 hpi/sub-expresados a 00 hpi, además de 125 genes sobre-expresados a 00 hpi/sub-expresados a 48 hpi por efecto combinado de (A+T) más el efecto (A).

4. Del análisis de enriquecimiento GO se identificaron 20 genes candidatos confiriendo resistencia a *Solanum goniocalix* contra *Phytophthora infestans* POX-67: Diez genes estando sobre-expresados a 00 hpi se sub-expresaron a 48 hpi (PGSC0003DMG402016602, PGSC0003DMG401007871, PGSC0003DMG400007605, PGSC0003DMG400002217, PGSC0003DMG400007870, PGSC0003DMG400016372, PGSC0003DMG401012062, PGSC0003DMG400018462, PGSC0003DMG400005471 y PGSC0003DMG402024222). Además, otros diez genes que estando sub-expresados a 00 hpi se sobre-expresaron a 48 hpi (PGSC0003DMG400008596, PGSC0003DMG400025547, PGSC0003DMG400003380, PGSC0003DMG400005590, PGSC0003DMG400002427, PGSC0003DMG400031277, PGSC0003DMG400036554, PGSC0003DMG400031279, PGSC0003DMG400008593 y PGSC0003DMG400017234).

VI. RECOMENDACIONES

1. Completar estudios de diversidad genética de las papas nativas y silvestres de Ayacucho, especialmente del centro y sur de dicha región (áreas poco exploradas). Es necesario llenar este vacío de información con el fin de conservar, proteger, monitorizar y poner en valor su acervo genético para el mejoramiento genético biotecnológico de este cultivo.
2. Continuar con los estudios de validación de los 20 DEGs, candidatos para Resistencia a *Phytophthora infestans*, mediante técnicas de q-PCR.
3. Hacer estudio de diversidad genética e identificar la(s) cepa(s) predominante(s) de *Phytophthora infestans* en las regiones de Ayacucho, Apurímac y Huancavelica, regiones productoras de papa.
4. Promover estudios de prospección molecular basadas en secuenciación de ácidos nucleicos de alto rendimiento, como genotipado por secuenciación (GbS), estudios de mapeo por asociación amplia del genoma (GWS), transcriptómica (RNAseq), factores de transcripción y metagenómica en las poblaciones de Solanaceas, entre ellos la papa nativa y silvestre de Ayacucho, y fortalecer los programas de mejoramiento genético de Solanaceas andinas.

VII. REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Agrios, G.N. 2005. Fitopatología (en línea, sitio web). Consultado 30 nov. 2019. Disponible en <https://infoagronomo.net/fitopatologia-gn-agrios-pdf/>.
- Ah-Hen, K.; Fuenzalida, C.; Hess, S.; Contreras, A.; Vega-Gálvez, A.; Lemus-Mondaca, R. 2012. Antioxidant Capacity and Total Phenolic Compounds of Twelve Selected Potato Landrace Clones Grown in Southern Chile. *Chilean journal of agricultural research* 72(1):3-9. DOI: <https://doi.org/10.4067/S0718-58392012000100001>.
- Ali, A.; Alexandersson, E.; Sandin, M.; Resjö, S.; Lenman, M.; Hedley, P.; Levander, F.; Andreasson, E. 2014. Quantitative proteomics and transcriptomics of potato in response to *Phytophthora infestans* in compatible and incompatible interactions. *BMC Genomics* 15(1):497. DOI: <https://doi.org/10.1186/1471-2164-15-497>.
- Anders, S.; Huber, W. 2010. Differential expression analysis for sequence count data. *Genome Biology* 11(10):R106. DOI: <https://doi.org/10.1186/gb-2010-11-10-r106>.
- Andrade-Piedra, J.; Torres, L. 2011. DIACOL CAPIRO – Inventario de Tecnologías e Información para el Cultivo de Papa en Ecuador (en línea, sitio web). Consultado 26 ene. 2020. Disponible en <https://cipotato.org/papaenecuador/2017/10/12/24-diacol-capiro/>.
- Andre, C.M.; Ghislain, M.; Bertin, P.; Oufir, M.; Herrera, M. del R.; Hoffmann, L.; Hausman, J-F; Larondelle, Y.; Evers, D. 2007. Andean potato cultivars (*Solanum tuberosum* L.) as a source of antioxidant and mineral micronutrients. *Journal of Agricultural and Food Chemistry* 55(2):366-378. DOI: <https://doi.org/10.1021/jf062740i>.
- Anoumaa, M.; Yao, N.; Kouam, E.; Kanmegne, G.; Machuka, E.; Osama, S.; Nzuki, I.; Kanga, Y.B.; Théophile, F.; Omokolo, D. 2017. Genetic Diversity and Core Collection for Potato (*Solanum tuberosum* L.) Cultivars from Cameroon as Revealed by SSR Markers. *American Journal of Potato Research*. DOI: <https://doi.org/10.1007/s12230-017-9584-2>.
- Archak, S. 2000. Plant DNA fingerprinting: an overview. *AgBiotechNet ABN* 2.

- Ashkenazi, V.; Chani, E.; Lavi, U.; Levy, D.; Hillel, J.; Veilleux, R.E. 2001. Development of microsatellite markers in potato and their use in phylogenetic and fingerprinting analyses. *Genome* 44(1):50-62. DOI: <https://doi.org/10.1139/g00-096>.
- Avrova, A.O.; Venter, E.; Birch, P.R.J.; Whisson, S.C. 2003. Profiling and quantifying differential gene transcription in *Phytophthora infestans* prior to and during the early stages of potato infection. *Fungal Genetics and Biology* 40(1):4-14. DOI: [https://doi.org/10.1016/S1087-1845\(03\)00063-X](https://doi.org/10.1016/S1087-1845(03)00063-X).
- Babraham, I. 2017. Bioinformatics - Trim Galore! (en línea, sitio web). Consultado 12 dic. 2019. Disponible en https://www.bioinformatics.babraham.ac.uk/projects/trim_galore/.
- Bali, S.; Patel, G.; Novy, R.; Vining, K.; Brown, C.; Holm, D.; Porter, G.; Endelman, J.; Thompson, A.; Sathuvalli, V. 2018. Evaluation of genetic diversity among Russet potato clones and varieties from breeding programs across the United States. *PLOS ONE* 13(8):e0201415. DOI: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0201415>.
- Boada, M.Y.; Mejía Ramírez, J.L.; Ceballos Aguirre, N.; Orozco, F.J. 2010. Evaluación agronómica de treinta introducciones de tomate silvestre tipo cereza (*Solanum lycopersicum* L.). *Agronomía (Manizales)* 18(2):59-67.
- Bolger, A.M.; Lohse, M.; Usadel, B. 2014. Trimmomatic: a flexible trimmer for Illumina sequence data. *Bioinformatics (Oxford, England)* 30(15):2114-2120. DOI: <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btu170>.
- Bullard, J.H.; Purdom, E.; Hansen, K.D.; Dudoit, S. 2010. Evaluation of statistical methods for normalization and differential expression in mRNA-Seq experiments. *BMC Bioinformatics* 11(1):94. DOI: <https://doi.org/10.1186/1471-2105-11-94>.
- Cadima, X.; Veramendi, S.; Gabriel, J. 2013. Uso de marcadores moleculares microsatelite para el análisis de la diversidad genética de papa nativa de Bolivia. *Journal of the Selva Andina Research Society* 4(1):18-30.
- Campos, D.; Noratto, G.; Chirinos, R.; Arbizu, C.; Roca, W.; Cisneros-Zevallos, L. 2006. Antioxidant capacity and secondary metabolites in four species of Andean tuber crops: native potato (*Solanum* sp.), mashua (*Tropaeolum tuberosum* Ruiz & Pavón), Oca (*Oxalis tuberosa* Molina) and ulluco (*Ullucus tuberosus* Caldas). *Journal of the Science of Food and Agriculture* 86(10):1481-1488. DOI: <https://doi.org/10.1002/jsfa.2529>.
- Carreño, H. 2017. Identificación de genes regulados diferencialmente en respuesta a la infección por *Globodera pallida* en una variedad de papa resistente y otra susceptible

- al nemátodo (en línea). Universidad Peruana Cayetano Heredia. Consultado 9 dic. 2019. Disponible en <http://repositorio.upch.edu.pe/handle/upch/752>.
- Chang-Kee, A.J. 2016. Caracterización de seis poblaciones de *Solanum pimpinellifolium* de las regiones Piura y Lima respecto de su resistencia a *Phytophthora infestans* (en línea). Universidad Peruana Cayetano Heredia. Consultado 9 dic. 2019. Disponible en <http://repositorio.upch.edu.pe/handle/upch/327>.
- Charepalli, V.; Reddivari, L.; Radhakrishnan, S.; Ramakrishna, V.; Agarwal, R.; Vanamala, J. 2015. Anthocyanin-containing purple-fleshed potatoes suppress colon tumorigenesis via elimination of colon cancer stem cells. *J. Nutr. Biochem* 26:1641-1649.
- Chimote, V.P.; Chakrabarti, S.K.; Pattanayak, D.; Naik, P.S. 2004. Semi-Automated Simple Sequence Repeat Analysis Reveals Narrow Genetic Base in Indian Potato Cultivars. *Biologia Plantarum* 48(4):517-522. DOI: <https://doi.org/10.1023/B:BIOP.0000047146.69936.ed>.
- CIP, C.I. de la P. 2006. Catalogo de variedades de papa nativa de Huancavelica - Peru. (en línea). s.l., Federacion Departamental de Comunidades Campesinas (FEDECH). Consultado 1 dic. 2019. Disponible en <http://agris.fao.org/agris-search/search.do?recordID=QP2007000124>.
- CIP; Pataz, A.; Agraria, IN de I. 2015. Catalogo de variedades de papa nativa de Chugay, La Libertad - Peru Catalog of ancestral potato varieties from Chugay, La Libertad - Peru (en línea). s.l., Centro Internacional de la Papa (CIP). DOI: <https://dx.doi.org/10.4160/9789290604679>.
- Cock, P.J.A.; Fields, C.J.; Goto, N.; Heuer, M.L.; Rice, P.M. 2010. The Sanger FASTQ file format for sequences with quality scores, and the Solexa/Illumina FASTQ variants. *Nucleic Acids Research* 38(6):1767-1771. DOI: <https://doi.org/10.1093/nar/gkp1137>.
- Coombs, J.J.; Frank, L.M.; Douches, D.S. 2004. An applied fingerprinting system for cultivated potato using simple sequence repeats. *American Journal of Potato Research* 81(4):243-250. DOI: <https://doi.org/10.1007/BF02871765>.
- Côté, M.-J.; Leduc, L.; Reid, A. 2013. Evaluation of Simple Sequence Repeat (SSR) Markers Established in Europe as a Method for the Identification of Potato Varieties Grown in Canada. *American Journal of Potato Research* 90(4):340-350. DOI: <https://doi.org/10.1007/s12230-013-9310-7>.
- De Haan, S.; Núñez, J.; Bonierbale, M.; Ghislain, M.; Van der Maesen, J. 2013. A Simple Sequence Repeat (SSR) Marker Comparison of a Large In- and Ex-situ Potato

- Landrace Cultivar Collection from Peru Reaffirms the Complementary Nature of both Conservation Strategies. *Diversity* 5(3):505-521. DOI: <https://doi.org/10.3390/d5030505>.
- Delgado, R. 2019. Late blight: pathogen variability and disease resistance breeding in Ecuador (en línea). s.l., Wageningen University. DOI: <https://doi.org/10.18174/475569>.
- Delgado, SR; González, HF; Graterol, LA; Carrillo, NU. 2014. Caracterización molecular de genotipos de *Rubus* mediante marcadores microsatélites. 64:12.
- Devaux, A.; Kromann, P.; Ortiz, O. 2014. Potatoes for sustainable global food security. (en línea). *Potato Research*. DOI: <https://dx.doi.org/10.1007/s11540-014-9265-1>.
- Dillies, M-A.; Rau, A.; Aubert, J.; Hennequet-Antier, C.; Jeanmougin, M.; Servant, N.; Keime, C.; Marot, G.; Castel, D.; Estelle, J.; Guernec, G.; Jagla, B.; Jouneau, L.; Laloë, D.; Le Gall, C.; Schaëffer, B.; Le Crom, S.; Guedj, M.; Jaffrézic, F.; French Stat Omique Consortium. 2013. A comprehensive evaluation of normalization methods for Illumina high-throughput RNA sequencing data analysis. *Briefings in Bioinformatics* 14(6):671-683. DOI: <https://doi.org/10.1093/bib/bbs046>.
- Dobin, A.; Davis, C.A.; Schlesinger, F.; Drenkow, J.; Zaleski, C.; Jha, S.; Batut, P.; Chaisson, M.; Gingeras, T.R. 2013. STAR: ultrafast universal RNA-seq aligner. *Bioinformatics* (Oxford, England) 29(1):15-21. DOI: <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/bts635>.
- Dobin, A.; Gingeras, T.R. 2015. Mapping RNA-seq Reads with STAR. *Current Protocols in Bioinformatics* 51:11.14.1-11.14.19. DOI: <https://doi.org/10.1002/0471250953.bi1114s51>.
- Dorado, M. 2014. Variabilidad genética de *Phytophthora infestans* aislado de *Solanum betaceum* en los departamentos de Nariño y Putumayo mediante marcadores microsatélites. Monografía (en línea, sitio web). Consultado 2 dic. 2019. Disponible en <http://biblioteca.udenar.edu.co:8085/atenea/biblioteca/90057.pdf>.
- Duan, Y.; Liu, J.; Xu, J.; Bian, C.; Duan, S.; Pang, W.; Hu, J.; Li, G.; Jin, L. 2019. DNA Fingerprinting and Genetic Diversity Analysis with Simple Sequence Repeat Markers of 217 Potato Cultivars (*Solanum tuberosum* L.) in China. *American Journal of Potato Research* 96(1):21-32. DOI: <https://doi.org/10.1007/s12230-018-9685-6>.
- Elsayed, A.; González Aguilera, J.; Silva, D.; Rodrigues, G.; Pessoni, L.; Barros, E. 2011. Genetic variability by ISSR markers in tomato (*Solanum lycopersicon* Mill.). *Revista*

- Endrullat, C.; Glökler, J.; Franke, P.; Frohme, M. 2016. Standardization and quality management in next-generation sequencing. *Applied & Translational Genomics* 10:2-9. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.atg.2016.06.001>.
- Erazzú, L.; Camadro, E.; Clausen, A. 2009. Persistence over time, overlapping distribution and molecular indications of interspecific hybridization in wild potato populations of Northwest Argentina. *Euphytica* 168:249-262. DOI: <https://doi.org/10.1007/s10681-009-9938-z>.
- Escribano, P.; Viruel, M.A.; Hormaza, J.I. 2008. Comparison of different methods to construct a core germplasm collection in woody perennial species with simple sequence repeat markers. A case study in cherimoya (*Annona cherimola*, Annonaceae), an underutilised subtropical fruit tree species. *Annals of Applied Biology* 153(1):25-32. DOI: <https://doi.org/10.1111/j.1744-7348.2008.00232.x>.
- Espinoza, M-L.R. 2017. Análisis transcriptómico de la respuesta a heladas en papas nativas (en línea). Universidad Peruana Cayetano Heredia . Consultado 9 dic. 2019. Disponible en <http://repositorio.upch.edu.pe/handle/upch/1037>.
- Evers, D.; Ghislain, M.; Hoffmann, L.; Hausman, J.F.; Dommès, J. 2006. A late blight resistant potato plant overexpresses a gene coding for α -galactosidase upon infection by *Phytophthora infestans*. *Biologia Plantarum* 50(2):265-271. DOI: <https://doi.org/10.1007/s10535-006-0017-1>.
- Evers, D.; Schweitzer, C.; Nicot, N.; Gigliotti, S.; Herrera, M.R.; Hausman, J.F.; Hoffmann, L.; Trognitz, B.; Dommès, J.; Ghislain, M. 2005. Two PR-1 loci detected in the native cultivated potato *Solanum phureja* appear differentially expressed upon challenge by late blight. *Physiological and Molecular Plant Pathology* 67(3):155-163. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.pmpp.2005.12.003>.
- Ewels, P.; Magnusson, M.; Lundin, S.; Källér, M. 2016. MultiQC: summarize analysis results for multiple tools and samples in a single report. *Bioinformatics* 32(19):3047-3048. DOI: <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btw354>.
- Excoffier, L.; Lischer, H.E.L. 2010. Arlequin suite ver 3.5: a new series of programs to perform population genetics analyses under Linux and Windows. *Molecular Ecology Resources* 10(3):564-567.

- FAO. 2008. Año internacional de la papa 2008 - Nueva luz sobre un tesoro enterrado (en línea, sitio web). Consultado 1 dic. 2019. Disponible en <http://www.fao.org/3/i0500s/i0500s00.htm>.
- FAOSTAT. 2019. (en línea, sitio web). Consultado 1 dic. 2019. Disponible en <http://www.fao.org/faostat/en/#home>.
- Feingold, S.; Lloyd, J.; Norero, N.; Bonierbale, M.; Lorenzen, J. 2005. Mapping and characterization of new EST-derived microsatellites for potato (*Solanum tuberosum* L.). *Theoretical and Applied Genetics* 111(3):456-466. DOI: <https://doi.org/10.1007/s00122-005-2028-2>.
- Finotello, F.; Di Camillo, B. 2015. Measuring differential gene expression with RNA-seq: challenges and strategies for data analysis. *Briefings in Functional Genomics* 14(2):130-142. DOI: <https://doi.org/10.1093/bfgp/elu035>.
- Finotello, F.; Lavezzo, E.; Bianco, L.; Barzon, L.; Mazzon, P.; Fontana, P.; Toppo, S.; Di Camillo, B. 2014. Reducing bias in RNA sequencing data: a novel approach to compute counts. *BMC Bioinformatics* 15(Suppl 1):S7. DOI: <https://doi.org/10.1186/1471-2105-15-S1-S7>.
- Flor, H.H. 1971. Current Status of the Gene-For-Gene Concept. *Annual Review of Phytopathology* 9(1):275-296. DOI: <https://doi.org/10.1146/annurev.py.09.090171.001423>.
- Fonseca, C; Burgos, G; Rodríguez, F; Muñoz, L; Ordinola, M. 2014. Catalogo de variedades de papa nativa con potencial para la seguridad alimentaria y nutricional de Apurímac y Huancavelica. s.l., International Potato Center.
- Forbes, G. 2012. Using Host Resistance to Manage Potato Late Blight with Particular Reference to Developing Countries. *Potato Research* 55:205-216. DOI: <https://doi.org/10.1007/s11540-012-9222-9>.
- Forbes, G.; Pérez, W.; Andrade, J. 2014. Field assessment of resistance in potato to *Phytophthora infestans*: International cooperators guide (en línea). s.l., s.e. Consultado 10 dic. 2019. Disponible en <https://cgspace.cgiar.org/handle/10568/65180>.
- Fry, W.E.; Birch, P.R.J.; Judelson, H.S.; Grünwald, N.J.; Danies, G.; Everts, K.L.; Gevens, A.J.; Gugino, B.K.; Johnson, D.A.; Johnson, S.B.; McGrath, M.T.; Myers, K.L.; Ristaino, J.B.; Roberts, P.D.; Secor, G.; Smart, C.D. 2015. Five Reasons to Consider *Phytophthora infestans* a Reemerging Pathogen. *Phytopathology* 105(7):966-981. DOI: <https://doi.org/10.1094/PHYTO-01-15-0005-FI>.

- Gao, L.; Bradeen, J.M. 2016. Contrasting Potato Foliage and Tuber Defense Mechanisms against the Late Blight Pathogen *Phytophthora infestans*. PLOS ONE 11(7):e0159969. DOI: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0159969>.
- Gao, L.; Tu, Z.J.; Millett, B.P.; Bradeen, J.M. 2013. Insights into organ-specific pathogen defense responses in plants: RNA-seq analysis of potato tuber-*Phytophthora infestans* interactions. BMC Genomics 14(1):340. DOI: <https://doi.org/10.1186/1471-2164-14-340>.
- Garrett-Bakelman, F.E.; Darshi, M.; Green, S.J; Gur, R.C.; Lin, L.; Macias, B.R.; McKenna, M.J.; Meydan, C.; Mishra, T.; Nasrini, J.; Piening, B.D.; Rizzardi, L.F.; Sharma, K.; Siamwala, J.H.; Taylor, L.; Vitaterna, M.H.; Afkarian, M.; Afshinnekoo, E.; Ahadi, S.; Ambati, A.; Arya, M.; Bezdán, D.; Callahan, C.M.; Chen, S.; Choi, A.M.K.; Chlipala, G.E.; Contrepolis, K.; Covington, M.; Crucian, B.E.; De Vivo, I.; Dinges, D.F.; Ebert, D.J.; Feinberg, J.I.; Gandara, J.A.; George, K.A.; Goutsias, J.; Grills, G.S.; Hargens, A.R.; Heer, M.; Hillary, R.P.; Hoofnagle, A.N.; Hook, V.Y.H.; Jenkinson, G.; Jiang, P.; Keshavarzian, A.; Laurie, S.S.; Lee-McMullen, B.; Lumpkins, S.B.; MacKay, M.; Maienschein-Cline, M.G.; Melnick, A.M.; Moore, T.M.; Nakahira, K.; Patel, H.H.; Pietrzyk, R.; Rao, V.; Saito, R.; Salins, D.N.; Schilling, J.M.; Sears, D.D.; Sheridan, C.K.; Stenger, M.B.; Tryggvadottir, R.; Urban, A.E.; Vaisar, T.; Van Espen, B.; Zhang, J.; Ziegler, M.G.; Zwart, S.R.; Charles, JB; Kundrot, CE; Scott, GBI; Bailey, SM; Basner, M; Feinberg, AP; Lee, SMC; Mason, CE; Mignot, E.; Rana, B.K.; Smith, S.M.; Snyder, M.P.; Turek, F.W. 2019. The NASA Twins Study: A multidimensional analysis of a year-long human spaceflight. Science (New York, N.Y.) 364(6436). DOI: <https://doi.org/10.1126/science.aau8650>.
- Ghislain, M.; Núñez, J.; del Rosario Herrera, M.; Pignataro, J.; Guzman, F.; Bonierbale, M.; Spooner, D.M. 2009. Robust and highly informative microsatellite-based genetic identity kit for potato. Molecular Breeding 23(3):377-388. DOI: <https://doi.org/10.1007/s11032-008-9240-0>.
- Ghislain, M.; Spooner, D.M.; Rodríguez, F.; Villamón, F.; Núñez, J.; Vásquez, C.; Waugh, R.; Bonierbale, M. 2004. Selection of highly informative and user-friendly microsatellites (SSRs) for genotyping of cultivated potato. Theoretical and Applied Genetics 108(5):881-890. DOI: <https://doi.org/10.1007/s00122-003-1494-7>.
- Ghislain, M.; Trognitz, B.; del R. Herrera, Ma.; Solis, J.; Casallo, G.; Vásquez, C.; Hurtado, O.; Castillo, R.; Portal, L.; Orrillo, M. 2001. Genetic loci associated with field resistance to late blight in offspring of *Solanum phureja* and *S. tuberosum* grown under

- short-day conditions. *Theoretical and Applied Genetics* 103(2):433-442. DOI: <https://doi.org/10.1007/s00122-001-0545-1>.
- Ghislain, M.; Zhang, D.; Herrera-Montoya, M. 1997. *Molecular Biology Laboratory Protocols Plant Genotyping: Training Manual*. s.l., Genetic resources department training manual. International Potato Center. 52 p.
- Gibson, S.; Kurilich, A.C. 2013. The nutritional value of potatoes and potato products in the UK diet. *Nutrition Bulletin* 38(4):389-399. DOI: <https://doi.org/10.1111/nbu.12057>.
- Gollery, M. 2006. An assessment of the current state of Bioinformatics education. *Bioinformatics* 1(7):247.
- Goss, E.M.; Tabima, J.F.; Cooke, D.E.L.; Restrepo, S.; Fry, W.E.; Forbes, G.A.; Fieland, V.J.; Cardenas, M.; Grünwald, N.J. 2014. The Irish potato famine pathogen *Phytophthora infestans* originated in central Mexico rather than the Andes. *Proceedings of the National Academy of Sciences* 111(24):8791-8796. DOI: <https://doi.org/10.1073/pnas.1401884111>.
- Goyer, A.; Hamlin, L.; Crosslin, J.M.; Buchanan, A.; Chang, J.H. 2015. RNA-Seq analysis of resistant and susceptible potato varieties during the early stages of potato virus Y infection (en línea). *BMC Genomics* 16(1). DOI: <https://doi.org/10.1186/s12864-015-1666-2>.
- Hadfield, J.; Eldridge, M.D. 2014. Multi-genome alignment for quality control and contamination screening of next-generation sequencing data (en línea). *Frontiers in Genetics* 5. DOI: <https://doi.org/10.3389/fgene.2014.00031>.
- Hansen, K.D.; Irizarry, R.A.; Wu, Z. 2012. Removing technical variability in RNA-seq data using conditional quantile normalization. *Biostatistics (Oxford, England)* 13(2):204-216. DOI: <https://doi.org/10.1093/biostatistics/kxr054>.
- Haverkort, A.; Boonekamp, P.; Hutten, R.; Jacobsen, E.; Lotz, B.; Kessel, G.; Vossen, J.; Visser, R. 2016. Durable Late Blight Resistance in Potato Through Dynamic Varieties Obtained by Cisgenesis: Scientific and Societal Advances in the DuRPh Project. *Potato Research* 59. DOI: <https://doi.org/10.1007/s11540-015-9312-6>.
- Haynes, K.G.; Lambert, D.H.; Christ, B.J.; Weingartner, D.P.; Douches, D.S.; Backlund, J.E.; Secor, G.; Fry, W.; Stevenson, W. 1998. Phenotypic stability of resistance to late blight in potato clones evaluated at eight sites in the United States. *American Journal of Potato Research* 75(5):211-217. DOI: <https://doi.org/10.1007/BF02854215>.
- Haynes, K.G.; Zaki, H.E.M.; Christensen, C.T.; Ogden, E.L.; Rowland, L.J.; Kramer, M.D.; Zotarelli, L. 2017. High Levels of Heterozygosity Found for 15 SSR Loci in *Solanum*

- chacoense*. American Journal of Potato Research 94:638-646. DOI: <https://doi.org/10.1007/s12230-017-9602-4>.
- Hidalgo, C.; Andrea, P. 2015. Tamizaje molecular de genotipos nativos de papa (*Solanum* spp.) en busca de QTLs de resistencia a *Phytophthora infestans*. (en línea). Consultado 1 dic. 2019. Disponible en <http://www.dspace.uce.edu.ec/handle/25000/6735>.
- Huamán, Z.; Spooner, D.M. 2002. Reclassification of landrace populations of cultivated potatoes (*Solanum* sect. Petota). American Journal of Botany 89(6):947-965. DOI: <https://doi.org/10.3732/ajb.89.6.947>.
- Ispizúa, V.N.; Guma, I.R.; Feingold, S.; Clausen, A.M. 2007. Genetic diversity of potato landraces from northwestern Argentina assessed with simple sequence repeats (SSRs). Genetic Resources and Crop Evolution 54(8):1833-1848. DOI: <https://doi.org/10.1007/s10722-007-9207-8>.
- Izarra, M.; Lindqvist-Kreuze, H. 2016. Expression of RXLR effectors in the EC-1 clonal lineage of *Phytophthora infestans* in Peru. Revista Peruana de Biología 23:293-299. DOI: <https://doi.org/10.15381/rpb.v23i3.12864>.
- Jiang, R.; Li, J.; Tian, Z.; Du, J.; Armstrong, M.; Baker, K.; Lim, J.T.Y.; Vossen, J.; He, H.; Portal, L.; Zhou, J.; Bonierbale, M.; Hein, I.; Lindqvist-Kreuze, H.; Xie, C. 2018. Potato late blight field resistance from QTL dPI09c is conferred by the NB-LRR gene R8. Journal of experimental botany 69. DOI: <https://doi.org/10.1093/jxb/ery021>.
- Jiang, R.; Li, J.; Tian, Z.; Du, J.; Armstrong, M.; Baker, K.; Tze-Yin Lim, J.; Vossen, J.H.; He, H.; Portal, L.; Zhou, J.; Bonierbale, M.; Hein, I.; Lindqvist-Kreuze, H.; Xie, C. 2018. Potato late blight field resistance from QTL dPI09c is conferred by the NB-LRR gene R8. Journal of Experimental Botany 69(7):1545-1555. DOI: <https://doi.org/10.1093/jxb/ery021>.
- Jones, C.J.; Edwards, K.J.; Castaglione, S.; Winfield, M.O.; Sala, F.; van de Wiel, C.; Bredemeijer, G.; Vosman, B.; Matthes, M.; Daly, A.; Brettschneider, R.; Bettini, P.; Buiatti, M.; Maestri, E.; Malcevski, A.; Marmioli, N.; Aert, R.; Volckaert, G.; Rueda, J.; Linacero, R.; Vazquez, A.; Karp, A. 1997. Reproducibility testing of RAPD, AFLP and SSR markers in plants by a network of European laboratories. Molecular Breeding 3(5):381-390. DOI: <https://doi.org/10.1023/A:1009612517139>.
- Jupe, F.; Witek, K.; Verweij, W.; Sliwka, J.; Pritchard, L.; Etherington, G.J.; Maclean, D.; Cock, P.J.; Leggett, R.M.; Bryan, G.J.; Cardle, L.; Hein, I.; Jones, J.D.G. 2013. Resistance gene enrichment sequencing (RenSeq) enables reannotation of the NB-LRR gene family from sequenced plant genomes and rapid mapping of resistance loci

- in segregating populations. *The Plant Journal: For Cell and Molecular Biology* 76(3):530-544. DOI: <https://doi.org/10.1111/tpj.12307>.
- Juyó, D. 2012. Diversidad genética y estructura poblacional en genotipos diploides de papa (en línea). masters. s.l., Universidad Nacional de Colombia. 43 p. Consultado 9 dic. 2019. Disponible en <http://bdigital.unal.edu.co/9778/>.
- Karaagac, E.; Yilma, S.; Vales, M. 2010. SSR-BASED DNA Fingerprinting of potato clones from the pacific northwest potato variety development program | International Society for Horticultural Science (en línea, sitio web). Consultado 2 dic. 2019. Disponible en http://www.actahort.org/books/859/859_14.htm.
- Killick, R.J.; Malcolmson, J.F. 1973. Inheritance in potatoes of field resistance to late blight [*Phytophthora infestans* (Mont.) de Bary]. *Physiological Plant Pathology* 3(1):121-131. DOI: [https://doi.org/10.1016/0048-4059\(73\)90028-3](https://doi.org/10.1016/0048-4059(73)90028-3).
- Kim, D.; Langmead, B.; Salzberg, S.L. 2015. HISAT: a fast spliced aligner with low memory requirements. *Nature Methods* 12(4):357-360. DOI: <https://doi.org/10.1038/nmeth.3317>.
- Kim, D.; Pertea, G.; Trapnell, C.; Pimentel, H.; Kelley, R.; Salzberg, S.L. 2013. TopHat2: accurate alignment of transcriptomes in the presence of insertions, deletions and gene fusions. *Genome Biology* 14(4):R36. DOI: <https://doi.org/10.1186/gb-2013-14-4-r36>.
- Kishine, M.; Tsutsumi, K.; Kitta, K. 2017. A set of tetra-nucleotide core motif SSR markers for efficient identification of potato (*Solanum tuberosum*) cultivars. *Breeding Science* 67(5):544-547. DOI: <https://doi.org/10.1270/jsbbs.17066>.
- Kolech, S.A.; Halseth, D.; Perry, K.; Wolfe, D.; Douches, D.S.; Coombs, J.; De Jong, W. 2016. Genetic Diversity and Relationship of Ethiopian Potato Varieties to Germplasm from North America, Europe and the International Potato Center. *American Journal of Potato Research* 93(6):609-619. DOI: <https://doi.org/10.1007/s12230-016-9543-3>.
- Koo, W. 2017. Exportaciones Agropecuarias Perú 2017 Junio (en línea, sitio web). Consultado 1 dic. 2019. Disponible en <https://www.agrodataperu.com/2017/07/exportaciones-agropecuarias-peru-2017-junio.html>.
- Kuroda, Y.T.; Tomooka, N.; Kaga, A.; Wanigadeva, S.M.S.W.; Vaughan, D.A. 2009. Genetic diversity of wild soybean (*Glycine soja* Sieb. et Zucc.) and Japanese cultivated soybeans [*G. max* (L.) Merr.] based on microsatellite (SSR) analysis and the selection of a core collection | SpringerLink. *Genetic Resources and Crop Evolution* 56(8):1045-1055.

- Lachman, J.; Sherr, L.; Cluver, L.; Ward, C.; Hutchings, J.; Gardner, F. 2016. Integrating Evidence and Context to Develop a Parenting Program for Low-Income Families in South Africa. *Journal of Child and Family Studies* 25. DOI: <https://doi.org/10.1007/s10826-016-0389-6>.
- Langmead, B.; Salzberg, S.L. 2012. Fast gapped-read alignment with Bowtie 2. *Nature Methods* 9(4):357-359. DOI: <https://doi.org/10.1038/nmeth.1923>.
- Leggett, R.M.; Ramirez-Gonzalez, R.H.; Clavijo, B.; Waite, D.; Davey, R.P. 2013. Sequencing quality assessment tools to enable data-driven informatics for high throughput genomics (en línea). *Frontiers in Genetics* 4. DOI: <https://doi.org/10.3389/fgene.2013.00288>.
- Li, H.; Handsaker, B.; Wysoker, A.; Fennell, T.; Ruan, J.; Homer, N.; Marth, G.; Abecasis, G. 2009. The Sequence Alignment/Map format and SAMtools. *Bioinformatics* 25:2078-2079.
- Li, J.; Lindqvist-Kreuzer, H.; Tian, Z.; Liu, J.; Song, B.; Landeo, J.; Portal, L.; Gastelo, M.; Frisancho, J.; Sanchez, L.; Meijer, D.; Xie, C.; Bonierbale, M. 2012. Conditional QTL underlying resistance to late blight in a diploid potato population. *Theoretical and Applied Genetics* 124(7):1339-1350. DOI: <https://doi.org/10.1007/s00122-012-1791-0>.
- Li, R.; Li, Y.; Kristiansen, K.; Wang, J. 2008. SOAP: Short Oligonucleotide Alignment Program. *Bioinformatics* (Oxford, England) 24:713-4. DOI: <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btn025>.
- Lindqvist-Kreuzer, H.; Gastelo, M.; Perez, W.; Forbes, G.; De Koeyer, D.; Bonierbale, M. 2014. Phenotypic Stability and Genome-Wide Association Study of Late Blight Resistance in Potato Genotypes Adapted to the Tropical Highlands. *Phytopathology* 104. DOI: <https://doi.org/10.1094/PHTO-10-13-0270-R>.
- Liu, Y.; Lin-Wang, K.; Deng, C.; Warran, B.; Wang, L.; Yu, B.; Yang, H.; Wang, J.; Espley, R.V.; Zhang, J.; Wang, D.; Allan, A.C. 2015. Comparative Transcriptome Analysis of White and Purple Potato to Identify Genes Involved in Anthocyanin Biosynthesis. *PLOS ONE* 10(6):e0129148. DOI: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0129148>.
- Londoño Murillo, J.; Gil Villa, D.M.; Aguilar Marín, S.B.; Rivera Páez, F.A.; López Gartner, G.A. 2011. Caracterización molecular de clones de *Theobroma cacao* L., por medio de marcadores moleculares microsatélites. *Luna Azul* (32):52-60.

- Lovén, J.; Orlando, D.A.; Sigova, A.A.; Lin, C.Y.; Rahl, P.B.; Burge, C.B.; Levens, D.L.; Lee, T.I.; Young, R.A. 2012. Revisiting global gene expression analysis. *Cell* 151(3):476-482. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.cell.2012.10.012>.
- Lozano, R.; Ponce, O.; Ramirez, M.; Mostajo, N.; Orjeda, G. 2012. Genome-Wide Identification and Mapping of NBS-Encoding Resistance Genes in *Solanum tuberosum* Group Phureja. *PLOS ONE* 7(4):e34775. DOI: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0034775>.
- Luo, R.; Wong, T.; Zhu, J.; Liu, C-M.; Zhu, X.; Wu, E.; Lee, L-K.; Lin, H.; Zhu, W.; Cheung, D.W.; Ting, H-F.; Yiu, S-M.; Peng, S.; Yu, C.; Li, Y.; Li, R.; Lam, T-W. 2013. SOAP3-dp: Fast, Accurate and Sensitive GPU-Based Short Read Aligner (en línea). *PLoS ONE* 8(5). DOI: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0065632>.
- Malcolmson, J.F.; Black, W. 1966. New R genes in *Solanum demissum* Lindl. And their complementary races of *Phytophthora infestans* (Mont.) de Bary. *Euphytica* 15(2):199-203. DOI: <https://doi.org/10.1007/BF00022324>.
- Maniatis, T.; Fritsch, E.F.; Sambrook, J. 1984. Molecular Cloning: A Laboratory Manual., *Zeitschrift für allgemeine Mikrobiologie* 24(1):32-32. DOI: <https://doi.org/10.1002/jobm.19840240107>.
- Maras, M.; Sedlar, A.; Reid, A.; Božović, V.; Jovović, Z.; Meglič, V.; Dolničar, P. 2017. Genetic Diversity and Redundancy Among Potato Accessions in the Montenegrin Collection as Revealed by Microsatellite Markers. *American Journal of Potato Research* 94(4):306-313. DOI: <https://doi.org/10.1007/s12230-017-9566-4>.
- Marchezi, P.; Campos, T.; Sousa, A.; Sforça, D.A.; Torres, G.; de Souza, A. 2010. Potato cultivar identification using molecular markers. *Pesquisa Agropecuária Brasileira* 45:110-113. DOI: <https://doi.org/10.1590/S0100-204X2010000100015>.
- Martin, M. 2011. Cutadapt removes adapter sequences from high-throughput sequencing reads. *EMBnet journal* 17(1):10-12. DOI: <https://doi.org/10.14806/ej.17.1.200>.
- Massa, A.; Childs, K.; Buell, C. 2013. Abiotic and Biotic Stress Responses in Group Phureja DM1-3 516 R44 as Measured through Whole Transcriptome Sequencing. *The Plant Genome* 6. DOI: <https://doi.org/10.3835/plantgenome2013.05.0014>.
- Massa, A.N.; Childs, K.L.; Lin, H.; Bryan, G.J.; Giuliano, G.; Buell, C.R. 2011. The Transcriptome of the Reference Potato Genome *Solanum tuberosum* Group Phureja Clone DM1-3 516R44. *PLOS ONE* 6(10):e26801. DOI: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0026801>.

- Meng, Y.; Zhao, N.; Li, H.; Zhai, H.; He, S.; Liu, Q. 2018. SSR fingerprinting of 203 sweetpotato (*Ipomoea batatas* (L.) Lam.) varieties. *Journal of Integrative Agriculture* 17(1):86-93. DOI: [https://doi.org/10.1016/S2095-3119\(17\)61687-3](https://doi.org/10.1016/S2095-3119(17)61687-3).
- Mi, D.; Li, Z.; Lim, L.; Li, M.; Moissidis, M.; Yang, Y.; Gao, T.; Hu, T.X.; Pratt, T.; Price, D.J.; Sestan, N.; Marín, O. 2018. Early emergence of cortical interneuron diversity in the mouse embryo. *Science* (New York, N.Y.) 360(6384):81-85. DOI: <https://doi.org/10.1126/science.aar6821>.
- Milbourne, D.; Meyer, R.C.; Collins, A.J.; Ramsay, L.D.; Gebhardt, C.; Waugh, R. 1998. Isolation, characterisation and mapping of simple sequence repeat loci in potato. *Molecular and General Genetics MGG* 259(3):233-245. DOI: <https://doi.org/10.1007/s004380050809>.
- MINAGRI, M de A y; Yanapai, G; Agraria, IN de I; Center, IP. 2017. Catalogo de variedades de papa nativa del sureste del departamento de Junin - Peru. (en línea). s.l., Centro Internacional de la Papa (CIP). DOI: <http://dx.doi.org/10.4160/9789290602088>.
- Monsalve-Fonnegra, Z.I.; Monsalve-Restrepo, M.I.; Urrea-Trujillo, A.I.; Zapata, J.L. 2012. Differential expression during *Solanum tuberosum*- *Phytophthora infestans* interaction. *Revista Colombiana de Biotecnología* 14(1):77-92.
- Monte, M.; Rey, F.; Carboni, M.; Castellote, M.; Sucar, S.; Norero, N.; Colman, S.; Massa, G.; Colavita, M.; Feingold, S. 2018. Genetic Diversity in Argentine Andean Potatoes by Means of Functional Markers. *American Journal of Potato Research* . DOI: <https://doi.org/10.1007/s12230-018-9630-8>.
- Monteros-Altamirano, A.; Buitrón-Bustamante, J.; Orbe-Vergara, K.; Cuesta-Subía, X. 2017. Ecuadorian potato landraces: traditional names and genetic identity papas nativas ecuatorianas: nombres tradicionales e identidad genética. *Revista de Fitotecnia México* 40(4):481-489.
- Naveed, Z.A.; Huguet-Tapia, J.C.; Ali, G.S. 2019. Transcriptome profile of Carrizo citrange roots in response to *Phytophthora parasitica* infection. *Journal of Plant Interactions* 14(1):187-204. DOI: <https://doi.org/10.1080/17429145.2019.1609106>.
- Nei, M. 1973. Analysis of Gene Diversity in Subdivided Populations. *Proceedings of the National Academy of Sciences* 70(12):3321-3323. DOI: <https://doi.org/10.1073/pnas.70.12.3321>.
- Norero, N.; Malleville, J.; Huarte, M.; Feingold, S. 2002. Cost efficient potato (*Solanum tuberosum* L.) cultivar identification by microsatellite amplification. *Potato Research* 45(2):131-138. DOI: <https://doi.org/10.1007/BF02736108>.

- Nováková, A.; Šimáčková, K.; Bárta, J.; Curn, V. 2010. Utilization of DNA markers based on microsatellite polymorphism for identification of potato varieties cultivated in the Czech Republic. *Journal of Central European Agriculture* 11:415-422. DOI: <https://doi.org/10.5513/JCEA01/11.4.854>.
- Ochoa, C.M. 1999. *Las papas de Sudamérica: Perú*. s.l., International Potato Center. 1080 p.
- Oliveros, J.C. 2016. Venny 2.1.0 (en línea, sitio web). Consultado 9 dic. 2019. Disponible en <https://bioinfogp.cnb.csic.es/tools/venny/>.
- Oshlack, A.; Wakefield, M.J. 2009. Transcript length bias in RNA-seq data confounds systems biology. *Biology Direct* 4(1):14. DOI: <https://doi.org/10.1186/1745-6150-4-14>.
- Ovchinnikova, A.; Krylova, E.; Gavrilenko, T.; Smekalova, T.; Zhuk, M.; Knapp, S.; Spooner, D.M. 2011. Taxonomy of cultivated potatoes (*Solanum* section *Petota*: *Solanaceae*). *Botanical Journal of the Linnean Society* 165(2):107-155. DOI: <https://doi.org/10.1111/j.1095-8339.2010.01107.x>.
- Paradis, E.; Claude, J.; Strimmer, K. 2004. APE: Analyses of Phylogenetics and Evolution in R language. *Bioinformatics* 20(2):289-290. DOI: <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btg412>.
- Pérez, W.; Ñahui, M.; Ellis, D.; Forbes, G.A. 2014. Wide Phenotypic Diversity for Resistance to *Phytophthora infestans* Found in Potato Landraces from Peru. *Plant Disease* 98(11):1530-1533. DOI: <https://doi.org/10.1094/PDIS-03-14-0306-RE>.
- Perez, W.G.; Gamboa, J.S.; Falcon, Y.V.; Coca, M.; Raymundo, R.M.; Nelson, R.J. 2001. Genetic Structure of Peruvian Populations of *Phytophthora infestans*. *Phytopathology*TM 91(10):956-965. DOI: <https://doi.org/10.1094/PHYTO.2001.91.10.956>.
- Peru21, R. 2016. ADEX: Exportación de papa nativa peruana creció 211% en los últimos 5 años (en línea, sitio web). Consultado 1 dic. 2019. Disponible en <https://peru21.pe/economia/adex-exportacion-papa-nativa-peruana-crecio-211-ultimos-5-anos-219429-noticia/>.
- Pissard, A.; Arbizu, C.; Ghislain, M.; Bertin, P. 2008. Influence of Geographical Provenance on the Genetic Structure and Diversity of the Vegetatively Propagated Andean Tuber Crop, Mashua (*Tropaeolum tuberosum*), Highlighted by Intersimple Sequence Repeat Markers and Multivariate Analysis Methods. *International Journal of Plant Sciences - INT J PLANT SCI* 169:1248-1260. DOI: <https://doi.org/10.1086/591979>.

- Porter, B.W.; Paidi, M.; Ming, R.; Alam, M.; Nishijima, W.T.; Zhu, Y.J. 2009. Genome-wide analysis of *Carica papaya* reveals a small NBS resistance gene family. *Molecular genetics and genomics*: MGG 281(6):609-626. DOI: <https://doi.org/10.1007/s00438-009-0434-x>.
- Quicaño, E. 2017. Evaluación de la resistencia genética de papas nativas a *Phytophthora infestans*, in vitro e in situ, Ayacucho (en línea). Tesis. Ayacucho, Universidad Nacional de San Cristóbal de Huamanga. 96 p. Consultado 5 dic. 2019. Disponible en <http://repositorio.unsch.edu.pe/handle/UNSCH/2662>.
- Raker, C.M.; Spooner, D.M. 2002. Chilean Tetraploid Cultivated Potato, *Solanum tuberosum*, is Distinct from the Andean Populations: Microsatellite Data. *CROP SCIENCE* 42:8.
- Rapaport, F.; Khanin, R.; Liang, Y.; Pirun, M.; Krek, A.; Zumbo, P.; Mason, C.E.; Socci, N.D.; Betel, D. 2013. Comprehensive evaluation of differential gene expression analysis methods for RNA-seq data. *Genome Biology* 14(9):R95. DOI: <https://doi.org/10.1186/gb-2013-14-9-r95>.
- Raudvere, U.; Kolberg, L.; Kuzmin, I.; Arak, T.; Adler, P.; Peterson, H.; Vilo, J. 2019. g:Profiler: a web server for functional enrichment analysis and conversions of gene lists (2019 update). *Nucleic Acids Research* 47(W1):W191-W198. DOI: <https://doi.org/10.1093/nar/gkz369>.
- Ríos, D.; Ghislain, M.; Rodriguez, F.; Spooner, D.M. 2007. What Is the Origin of the European Potato? Evidence from Canary Island Landraces. *Crop Science* 47. DOI: <https://doi.org/10.2135/cropsci2006.05.0336>.
- Risso, D.; Schwartz, K.; Sherlock, G.; Dudoit, S. 2011. GC-Content Normalization for RNA-Seq Data. *BMC Bioinformatics* 12(1):480. DOI: <https://doi.org/10.1186/1471-2105-12-480>.
- Rjboudwi. 2019. New CIPM publication: Social Ecological System Tools for Improving Crop Pest Management – NSF Center for Integrated Pest Management (en línea, sitio web). Consultado 30 nov. 2019. Disponible en <https://cipm.ncsu.edu/2019/03/27/new-cipm-publication-social-ecological-system-tools-for-improving-crop-pest-management/>.
- Roca, L. 2015. Análisis de la diversidad genética de papas nativas de la zona suroeste del departamento de Junín mediante el uso de marcadores moleculares microsatélites (en línea). Universidad Nacional Agraria La Molina. Consultado 1 dic. 2019. Disponible en <http://repositorio.lamolina.edu.pe/handle/UNALM/1885>.

- Rodríguez Fuerte, V.; Marín Montoya, M.; Morales Osorio, J.G.; Cotes Torres, J.M.; Gutiérrez Sánchez, P.A. 2014. Sobreexpresión de genes en la interacción de *Spongospora subterranea* (Wallr.) Lagerh. y dos cultivares de *Solanum phureja* Juz. et. Buk. *Revista de Protección Vegetal* 29(1):20-32.
- Rohlf, F. 1988. NTSYS-pc - Numerical Taxonomy and Multivariate Analysis System. Applied Biostatistics Inc. New York 2.1.
- Romero, R.; Xavier, F. 2010. Análisis de la expresión del Gen PR-1 mediante la técnica de PCR en tiempo real (RT -PCK) en tomate (*Solanum Lycopersicum*) infectado con *phytophthora infestans* (en línea). Consultado 4 dic. 2019. Disponible en <http://repositorio.espe.edu.ec/jspui/handle/21000/2640>.
- Schick, R.; Möller, K.H.; Haussdörfer, M.; Schick, E. 1958. Die Widerstandsfähigkeit von Kartoffelsorten gegenüber der durch *Phytophthora infestans* (Mont.) De Bary hervorgerufenen Krautfäule. *Der Züchter* 28(3):99-105. DOI: <https://doi.org/10.1007/BF00710108>.
- Scurrah, M.; Celis-Gamboa, C.; Chumbiauca, S.; Salas, A.; Visser, R. 2008. Hybridization between wild and cultivated potato species in the Peruvian Andes and biosafety implications for deployment of GM potatoes. *Euphytica* 164:881-892. DOI: <https://doi.org/10.1007/s10681-007-9641-x>.
- Seyednasrollah, F.; Rantanen, K.; Jaakkola, P.; Elo, L.L. 2016. ROTS: reproducible RNA-seq biomarker detector—prognostic markers for clear cell renal cell cancer. *Nucleic Acids Research* 44(1):e1-e1. DOI: <https://doi.org/10.1093/nar/gkv806>.
- Shang, J.; Tao, Y.; Chen, X.; Zou, Y.; Lei, C.; Wang, J.; Li, X.; Zhao, X.; Zhang, M.; Lu, Z.; Xu, J.; Cheng, Z.; Wan, J.; Zhu, L. 2009. Identification of a new rice blast resistance gene, *Pid3*, by genomewide comparison of paired nucleotide-binding site--leucine-rich repeat genes and their pseudogene alleles between the two sequenced rice genomes. *Genetics* 182(4):1303-1311. DOI: <https://doi.org/10.1534/genetics.109.102871>.
- Sharma, V.; Nandineni, M.R. 2014. Assessment of genetic diversity among Indian potato (*Solanum tuberosum* L.) collection using microsatellite and retrotransposon based marker systems. *Molecular Phylogenetics and Evolution* 73:10-17. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.ympev.2014.01.003>.
- Shi, X.; Tian, Z.; Liu, J.; Vossen, E.; Xie, C. 2011. A potato pathogenesis-related protein gene, *StPRp27*, contributes to race-nonspecific resistance against *Phytophthora infestans*. *Molecular biology reports* 39:1909-16. DOI: <https://doi.org/10.1007/s11033-011-0937-5>.

- Singh, S.; Karihaloo, J.L.; Gaikwad, A.B. 2007. DNA Fingerprinting of Some Mango (*Mangifera indica* L) Cultivars Using Anchored-ISSR Markers. *Journal of Plant Biochemistry and Biotechnology* 16(2):113-117. DOI: <https://doi.org/10.1007/BF03321984>.
- Sokal, R.R.; Rohlf, F.J. 1995. *Biometry: the principles and practice of statistics in biological research* (en línea). 3rd ed. s.l., New York: W.H. Freeman. Consultado 5 dic. 2019. Disponible en <https://trove.nla.gov.au/work/10262434>.
- Soneson, C.; Delorenzi, M. 2013. A comparison of methods for differential expression analysis of RNA-seq data. *BMC Bioinformatics* 14(1):91. DOI: <https://doi.org/10.1186/1471-2105-14-91>.
- Soto, J.; Medina, T.; Aquino, Y.; Estrada, R. 2014. Diversidad genética de papas nativas (*Solanum* spp.) conservadas en cultivares nativos del Perú. *Revista Peruana de Biología* 20(3):215-222. DOI: <https://doi.org/10.15381/rpb.v20i3.5216>.
- Spanoghe, M.; Marique, T.; Lanterbecq, D.; Riviere, J.; Gadenne, M. 2015. Investigation and Development of Potato Parentage Analysis Methods Using Multiplexed SSR Fingerprinting. *Potato Research* 58:43-65. DOI: <https://doi.org/10.1007/s11540-014-9271-3>.
- Spooner, D.M. 1990. The potato: Evolution, biodiversity and genetic resources. *J.G. Hawkes. American Potato Journal* 67(10):733-735. DOI: <https://doi.org/10.1007/BF03044023>.
- Spooner, D.M.; Ghislain, M.; Simon, R.; Jansky, S.H.; Gavrilenko, T. 2014. Systematics, Diversity, Genetics, and Evolution of Wild and Cultivated Potatoes. *The Botanical Review* 80(4):283-383. DOI: <https://doi.org/10.1007/s12229-014-9146-y>.
- Spooner, D.M.; McLean, K.; Ramsay, G.; Waugh, R.; Bryan, G.J. 2005. A single domestication for potato based on multilocus amplified fragment length polymorphism genotyping. *Proceedings of the National Academy of Sciences* 102(41):14694-14699. DOI: <https://doi.org/10.1073/pnas.0507400102>.
- Spooner, D.M.; Núñez, J.; Trujillo, G.; Herrera, M. del R.; Guzmán, F.; Ghislain, M. 2007. Extensive simple sequence repeat genotyping of potato landraces supports a major reevaluation of their gene pool structure and classification. *Proceedings of the National Academy of Sciences* 104(49):19398-19403. DOI: <https://doi.org/10.1073/pnas.0709796104>.
- Stefańczyk, E.; Sobkowiak, S.; Brylińska, M.; Śliwka, J. 2017. Expression of the Potato Late Blight Resistance Gene *Rpi-phu1* and *Phytophthora infestans* Effectors in the

- Compatible and Incompatible Interactions in Potato. *Phytopathology* 107(6):740-748. DOI: <https://doi.org/10.1094/PHYTO-09-16-0328-R>.
- Sukhotu, T.; Kamijima, O.; Hosaka, K. 2005. Genetic diversity of the Andean tetraploid cultivated potato (*Solanum tuberosum* L. subsp. *andigena* Hawkes) evaluated by chloroplast and nuclear DNA markers. *Genome* 48(1):55-64. DOI: <https://doi.org/10.1139/g04-086>.
- Tiwari, J.K.; Singh, B.P.; Gopal, J.; Poonam, P.; Patil, V.U. 2013. Molecular characterization of the Indian Andigena potato core collection using microsatellite markers (en línea). *African Journal of Biotechnology* 12(10). Consultado 9 dic. 2019. Disponible en <https://www.ajol.info/index.php/ajb/article/view/127875>.
- Tobin, D.; Bates, R.; Brennan, M.; Gill, T. 2016. Peru potato potential: Biodiversity conservation and value chain development. *Renewable Agriculture and Food Systems* 1:1-14. DOI: <https://doi.org/10.1017/S1742170516000284>.
- Torres, Y. 2012. Integración de marcadores microsatélites en el mapa ultradenso de *solanum tuberosum* y su comparación con el de *solanum phureja* (en línea). Universidad Nacional Mayor de San Marcos . Consultado 2 dic. 2019. Disponible en <http://cybertesis.unmsm.edu.pe/handle/cybertesis/573>.
- Trapnell, C.; Roberts, A.; Goff, L.; Pertea, G.; Kim, D.; Kelley, D.R.; Pimentel, H.; Salzberg, S.L.; Rinn, J.L.; Pachter, L. 2012. Differential gene and transcript expression analysis of RNA-seq experiments with TopHat and Cufflinks. *Nature Protocols* 7(3):562-578. DOI: <https://doi.org/10.1038/nprot.2012.016>.
- Trapnell, C.; Williams, B.A.; Pertea, G.; Mortazavi, A.; Kwan, G.; van Baren, M.J.; Salzberg, S.L.; Wold, B.J.; Pachter, L. 2010. Transcript assembly and quantification by RNA-Seq reveals unannotated transcripts and isoform switching during cell differentiation. *Nature Biotechnology* 28(5):511-515. DOI: <https://doi.org/10.1038/nbt.1621>.
- UCLA. 2017. UCLA | Bioinformatics (en línea, sitio web). Consultado 4 dic. 2019. Disponible en <https://bioinformatics.ucla.edu/>.
- Vanderplak, J.E. 1984. *Disease Resistance in Plants - 2nd Edition* (en línea, sitio web). Consultado 2 dic. 2019. Disponible en <https://www.elsevier.com/books/disease-resistance-in-plants/vanderplank/978-0-12-711442-2>.
- Vargas, P. 2009. El cambio climático y sus efectos en el Perú. Banco Central de Reserva del Perú :59.

- de Vicente, M.C.; Lopez, C.; Fulton, T. 2004. Módulos de aprendizaje sobre marcadores moleculares: Vol. 1 y 2 (en línea). s.l., s.e. Consultado 5 dic. 2019. Disponible en <https://cgspace.cgiar.org/handle/10568/105047>.
- Vodnala, S.K.; Eil, R.; Kishton, R.J.; Sukumar, M.; Yamamoto, T.N.; Ha, N-H.; Lee, P-H.; Shin, M.; Patel, S.J.; Yu, Z.; Palmer, D.C.; Kruhlak, M.J.; Liu, X.; Locasale, J.W.; Huang, J.; Roychoudhuri, R.; Finkel, T.; Klebanoff, C.A.; Restifo, N.P. 2019. T cell stemness and dysfunction in tumors are triggered by a common mechanism. *Science (New York, N.Y.)* 363(6434). DOI: <https://doi.org/10.1126/science.aau0135>.
- van der Vossen, E.; Sikkema, A.; Hekkert, B. te L.; Gros, J.; Stevens, P.; Muskens, M.; Wouters, D.; Pereira, A.; Stiekema, W.; Allefs, S. 2003. An ancient R gene from the wild potato species *Solanum bulbocastanum* confers broad-spectrum resistance to *Phytophthora infestans* in cultivated potato and tomato. *The Plant Journal: For Cell and Molecular Biology* 36(6):867-882. DOI: <https://doi.org/10.1046/j.1365-313x.2003.01934.x>.
- Wang, X.; El Hadrami, A.; Adam, L.; Daayf, F. 2005. Genes encoding pathogenesis-related proteins PR-2, PR-3 and PR-9, are differentially regulated in potato leaves inoculated with isolates from US-1 and US-8 genotypes of *Phytophthora infestans* (Mont.) de Bary. *Physiological and Molecular Plant Pathology* 67:49-56. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.pmpp.2005.09.009>.
- Wang, X.; Hadrami, A.E.; Adam, L.; Daayf, F. 2004. US-1 and US-8 genotypes of *Phytophthora infestans* differentially affect local, proximal and distal gene expression of phenylalanine ammonia-lyase and 3-hydroxy, 3-methylglutaryl CoA reductase in potato leaves. *Physiological and Molecular Plant Pathology* 65(3):157-167.
- Wingett, S.W.; Andrews, S. 2018. FastQ Screen: A tool for multi-genome mapping and quality control (en línea). *F1000Research* 7. DOI: <https://doi.org/10.12688/f1000research.15931.2>.
- Wulff, E.G.; Pérez, W.; Nelson, R.J.; Bonierbale, M.; Landeo, J.A.; Forbes, G.A. 2007. Identification of stable resistance to *phytophthora infestans* in potato genotypes evaluated in field experiments in peru. *Experimental Agriculture* 43(3):353-363. DOI: <https://doi.org/10.1017/S0014479707004991>.
- Xu, X.; Pan, S.; Cheng, S.; Zhang, B.; Mu, D.; Ni, P.; Zhang, G.; Yang, S.; Li, R.; Wang, J.; Orjeda, G.; Guzman, F.; Torres, M.; Lozano, R.; Ponce, O.; Martinez, D.; De la Cruz, G.; Chakrabarti, S.K.; Patil, V.U.; Skryabin, K.G.; Kuznetsov, B.B.; Ravin, N.V.; Kolganova, T.V.; Beletsky, A.V.; Mardanov, A.V.; Di Genova, A.; Bolser, D.M.;

Martin, D.M.A.; Li, G.; Yang, Y.; Kuang, H.; Hu, Q.; Xiong, X.; Bishop, G.J.; Sagredo, B.; Mejía, N.; Zagorski, W.; Gromadka, R.; Gawor, J.; Szczesny, P.; Huang, S.; Zhang, Z.; Liang, C.; He, J.; Li, Y.; He, Y.; Xu, J.; Zhang, Y.; Xie, B.; Du, Y.; Qu, D.; Bonierbale, M.; Ghislain, M.; del Rosario Herrera, M.; Giuliano, G.; Pietrella, M.; Perrotta, G.; Facella, P.; O'Brien, K.; Feingold, S.E.; Barreiro, L.E.; Massa, G.A.; Diambra, L.; Whitty, B.R.; Vaillancourt, B.; Lin, H.; Massa, A.N.; Geoffroy, M.; Lundback, S.; DellaPenna, D.; Robin Buell, C.; Sharma, S.K.; Marshall, D.F.; Waugh, R.; Bryan, G.J.; Destefanis, M.; Nagy, I.; Milbourne, D.; Thomson, S.J.; Fiers, M.; Jacobs, J.M.E.; Nielsen, K.L.; Sønderkær, M.; Iovene, M.; Torres, G.A.; Jiang, J.; Veilleux, R.E.; Bachem, C.W.B.; de Boer, J.; Borm, T.; Kloosterman, B.; van Eck, H.; Datema, E.; te Lintel Hekkert, B.; Goverse, A.; van Ham, R.C.H.J.; Visser, R.G.F.; The Potato Genome Sequencing Consortium; The Potato Genome Consortium (Participants are listed alphabetically by institution.); BGI-Shenzhen; Cayetano Heredia University; Central Potato Research Institute; Centre Bioengineering RAS; CGR-CMM, U de C; College of Life Sciences, U of D; High Technology Research Center, SA of AS; Huazhong Agriculture University; Hunan Agricultural University; Imperial College London; Instituto de Investigaciones Agropecuarias; Institute of Biochemistry & Biophysics; Institute of Vegetables & Flowers, CA of AS; International Potato Center; Italian National Agency for New Technologies, E& SD; J Craig Venter Institute; Laboratorio de Agrobiotecnología, IN de TA; Laboratorio de Biología de Sistemas, UN de L; Michigan State University; Scottish Crop Research Institute; Teagasc Crops Research Centre; The New Zealand Institute for Plant & Food Research Ltd; University of Aalborg; University of Wisconsin; Virginia Polytechnic Institute & State University; Wageningen University & Research Centre. 2011. Genome sequence and analysis of the tuber crop potato. *Nature* 475(7355):189-195. DOI: <https://doi.org/10.1038/nature10158>.

Yang, X.; Guo, X.; Yang, Y.; Ye, P.; Xiong, X.; Liu, J.; Dong, D.; Li, G. 2018. Gene Profiling in Late Blight Resistance in Potato Genotype SD20. *International Journal of Molecular Sciences* 19(6). DOI: <https://doi.org/10.3390/ijms19061728>.

Yogendra, K.N.; Kushalappa, A.C. 2016. Integrated transcriptomics and metabolomics reveal induction of hierarchies of resistance genes in potato against late blight. *Functional plant biology* 43(8):766-782.

Yoshida, K.; Schuenemann, V.J.; Cano, L.M.; Pais, M.; Mishra, B.; Sharma, R.; Lanz, C.; Martin, F.N.; Kamoun, S.; Krause, J.; Thines, M.; Weigel, D.; Burbano, H.A. 2013.

The rise and fall of the *Phytophthora infestans* lineage that triggered the Irish potato famine. *eLife* 2:e00731. DOI: <https://doi.org/10.7554/eLife.00731>.

Yuen, J.E.; Forbes, G.A. 2009. Estimating the level of susceptibility to *Phytophthora infestans* in potato genotypes. *Phytopathology* 99(6):782-786. DOI: <https://doi.org/10.1094/PHTO-99-6-0782>.

Zeven, A.C. 1998. Landraces: A review of definitions and classifications. *Euphytica* 104(2):127-139. DOI: <https://doi.org/10.1023/A:1018683119237>.

Zhuk, A.; Veinberga, I.; Skrabule, I.; Ruĥāis, D. 2008. Characterization of latvian potato genetic resources by dna fingerprinting with ssr markers. *Agronomijas vēstis latvian journal of agronomy* 11(LLU):171-178.

VIII. ANEXOS

ANEXO 1: Identificación de 144 papas nativas, colectadas en el norte de Ayacucho

N°	Código	Nombre común	Lugar de Muestreo Provincia / Distrito	Localización	Mapa Localidad
1	a1	QARAZAPATO	La Mar / Anco	Huarcca	5
2	a4	YURAQCARPAS	La Mar / Anco	Huarcca	5
3	a5	MURUQARU	La Mar / Anco	Huarcca	5
4	a6	CCABILLAS	La Mar / Anco	Huarcca	5
5	a7	ZARDAPALTA	La Mar / Anco	Huarcca	5
6	a8	MENDEZ	La Mar / Anco	Huarcca	5
7	a9	LLUMCHUYHUACCACHI	La Mar / Anco	Huarcca	5
8	a10	YURAQPUTIS	La Mar / Anco	Huarcca	5
9	a11	RITIPASISAN	La Mar / Anco	Feria Anco	9
10	a12	HUANTINA	La Mar / Anco	Feria Anco	9
11	a13	CHIQCCHIPUTIS	La Mar / Anco	Feria Anco	9
12	a14	YURAQSISA	La Mar / Anco	Feria Anco	9
13	a15	ULPA	La Mar / Anco	Feria Anco	9
14	a17	MANCAÑAHUI	La Mar / Anco	Feria Anco	9
15	a18	TARAGALLU	La Mar / Anco	Feria Anco	9
16	a19	ALLCCAPUTIS	La Mar / Anco	Chiquintirca	6
17	a20	PUCAPUCRUS	La Mar / Anco	Chiquintirca	6
18	a21	CHILI	La Mar / Anco	Chiquintirca	6
19	a22	BOMBA	La Mar / Anco	Chiquintirca	6
20	a23	DURAZNILLO	La Mar / Anco	Chiquintirca	6
21	a24	YANAQACAS	La Mar / Anco	Totorabamba	7
22	a25	CHITURIANO	La Mar / Anco	Totorabamba	7
23	a26	GUILLERMO	La Mar / Anco	Totorabamba	7
24	a27	TUIRUS	La Mar / Anco	Totorabamba	7
25	a28	AZUCENA	La Mar / Anco	Totorabamba	7
26	a29	YANA LLIPUCHA	La Mar / Anco	Totorabamba	7
27	a30	PAULA	La Mar / Anco	Totorabamba	7
28	a31	LLIPUCHA	La Mar / Anco	Auquiraqay	8
29	a32	BASUL	La Mar / Anco	Auquiraqay	8
30	a33	WARKATINA	La Mar / Anco	Auquiraqay	8
31	a34	CCAKAS	La Mar / Anco	Auquiraqay	8
32	a35	WINCHINA	La Mar / Anco	Auquiraqay	8
33	a36	MURU PALTA	La Mar / Anco	Auquiraqay	8
34	a37	WINCUS	La Mar / Anco	Auquiraqay	8
35	a38	CHUNGUINA O YANA	La Mar / Anco	Auquiraqay	8
36	a39	MURUHUAYRO	La Mar / Anco	Anco	9

«continuación»

37	a40	JILLURUNTUS	La Mar / Anco	Anco	9
38	a41	WIRAPASÑA	La Mar / Anco	Anco	9
39	a43	LOCOSUYTU	La Mar / Anco	Anco	9
40	a45	SARDAPUTIS	La Mar / Anco	Oscoccocha	10
41	a46	HATUN PUTIS	La Mar / Anco	Huayllahura	11
42	a47	GARRASGO ROSADO	La Mar / Anco	Huayllahura	11
43	a48	YANA LAKYA	La Mar / Anco	Huayllahura	11
44	a49	SUYTU MURU GARU	La Mar / Anco	Huayllahura	11
45	a51	LUNAREJA	La Mar / Anco	Huayllahura	11
46	a53	PUCAGARRU	La Mar / Anco	Huayllahura	11
47	a54	HUINCHINA	La Mar / Anco	Huayllahura	11
48	a55	LINHUAS	La Mar / Anco	Huayllahura	11
49	c1	DURAZNILLO	La Mar / Chungui	Oronqoy	12
50	c2	RUYRU PUTIS	La Mar / Chungui	Oronqoy	12
51	c3	SUITU SARDO PUTIS	La Mar / Chungui	Oronqoy	12
52	c4	INTI PUTIS	La Mar / Chungui	Oronqoy	12
53	c5	SUITU YURAQ PUTIS	La Mar / Chungui	Oronqoy	12
54	c6	RUNTUS	La Mar / Chungui	Oronqoy	12
55	c7	RUYRU MENDEZ	La Mar / Chungui	Feria Chungui	13
56	c8	MURU TAMBINA	La Mar / Chungui	Feria Chungui	13
57	c9	CHUNGUINA	La Mar / Chungui	Feria Chungui	13
58	c10	YANA WAÑA	La Mar / Chungui	Feria Chungui	13
59	c11	ALLQAY WARMI	La Mar / Chungui	Feria Chungui	13
60	c13	MI PERU	La Mar / Chungui	Feria Chungui	13
61	c14	YURAQMACU	La Mar / Chungui	Feria Chungui	13
62	c15	YUCA PAPA	La Mar / Chungui	Feria Chungui	13
63	c16	PALTA MARIVA	La Mar / Chungui	Feria Chungui	13
64	c17	YURAQ CHASKA	La Mar / Chungui	Feria Chungui	13
65	c18	PUCA DURAZNILLU	La Mar / Chungui	Feria Chungui	13
66	c20	YANA CASPA	La Mar / Chungui	Chungui	13
67	c23	YURAQ UCHUCHAQUI	La Mar / Chungui	Chungui	13
68	c24	MURO GARRU	La Mar / Chungui	Chungui	13
69	c25	PUCA GARRU	La Mar / Chungui	Chungui	13
70	c26	SUSU YURAQ CISA	La Mar / Chungui	Chungui	13
71	c27	RITIPA SISAN	La Mar / Chungui	Chungui	13
72	c28	LUCU SUITU	La Mar / Chungui	Chungui	13
73	c29	ALLQA YURAQSISA	La Mar / Chungui	Chungui	13
74	c30	SAHUINTU	La Mar / Chungui	Chungui	13
75	c31	YURAQ LINHAS	La Mar / Chungui	Chungui	13
76	c32	PUCA LINHUAS	La Mar / Chungui	Chungui	13
77	c33	PUCA UCHUCHAQUI	La Mar / Chungui	Chungui	13
78	c34	YANA PAULA	La Mar / Chungui	Chungui	13
79	c35	AZUCENA	La Mar / Chungui	Chungui	13
80	c36	PUCA CHASCA	La Mar / Chungui	Chungui	13
81	c37	RUYRU TUMBAY	La Mar / Chungui	Chungui	13
82	c38	RUYRU MARIBA	La Mar / Chungui	Chungui	13

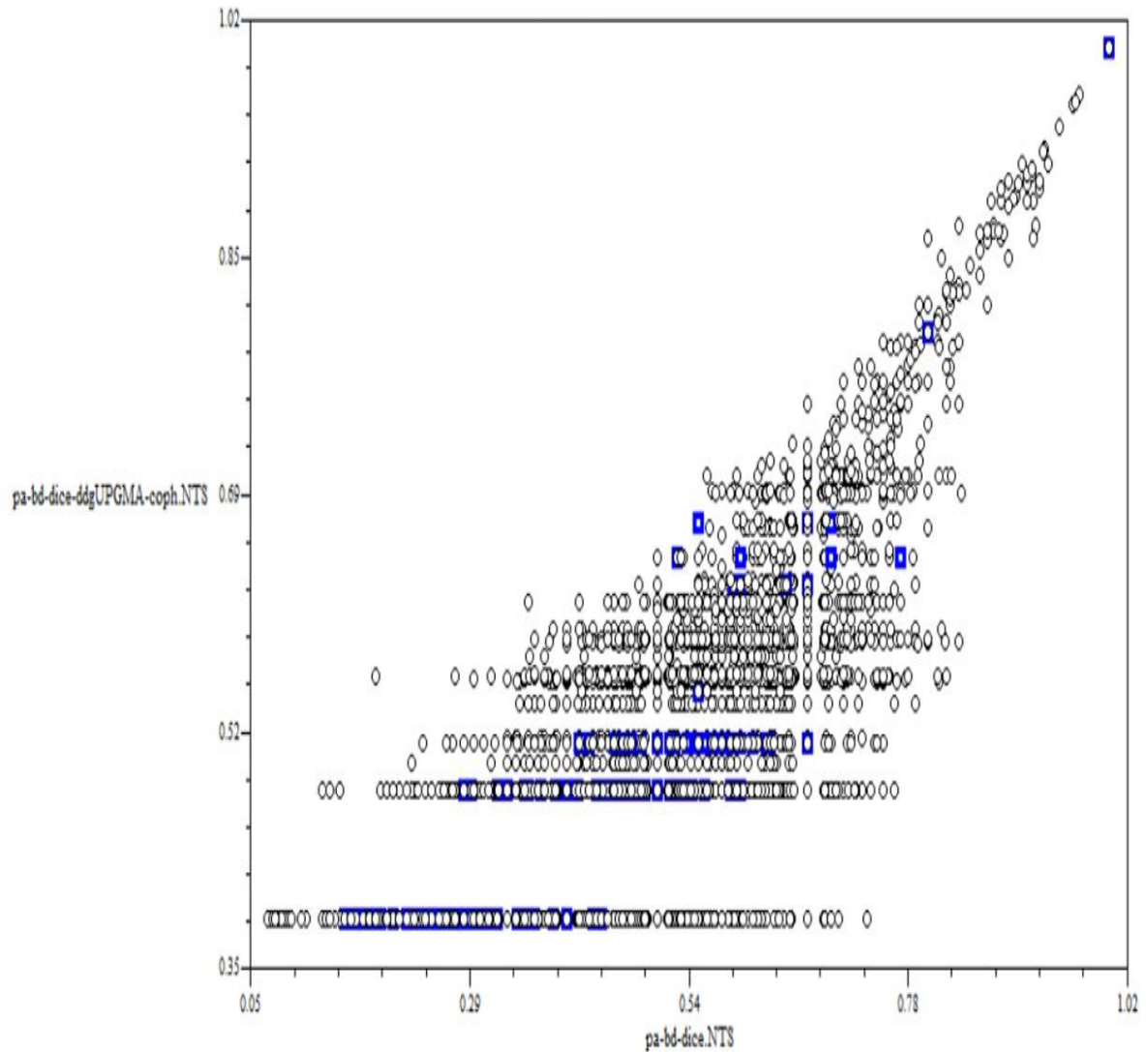
«continuación»

83	c39	PUCA AVILLAS	La Mar / Chungui	Chungui	13
84	c40	BOMBA	La Mar / Chungui	Chungui	13
85	c41	PUCALLIPU	La Mar / Chungui	Tantarpata	14
86	c42	YURAQ CHASCA	La Mar / Chungui	Tantarpata	14
87	c43	YURAQ AMAPOLA	La Mar / Chungui	Tantarpata	14
88	c44	PUCA TUMBAY	La Mar / Chungui	Tantarpata	14
89	c45	YURAQ ALCARRAZ	La Mar / Chungui	Tantarpata	14
90	c46	YURAQ PAULA	La Mar / Chungui	Tantarpata	14
91	c48	HUAJRILLO VERDADERO	La Mar / Chungui	Tantarpata	14
92	c49	LEONA I	La Mar / Chungui	Anguia	15
93	c50	LEONA II	La Mar / Chungui	Anguia	15
94	c51	BLANCA MARIA	La Mar / Chungui	Anguia	15
95	c52	BESO DE NOVIA	La Mar / Chungui	Anguia	15
96	c53	KUCHI PELO	La Mar / Chungui	Anguia	15
97	t49	YANA SUNQU	Huamanga / Ticllas	Chullumpampa	1
98	t50	COLOREADA	Huamanga / Ticllas	Chullumpampa	1
99	t51	YURAQ	Huamanga / Ticllas	Chullumpampa	1
100	t52	ROJIZA	Huamanga / Ticllas	Chullumpampa	1
101	t53	ALARGADA	Huamanga / Ticllas	Chullumpampa	1
102	t54	WACA UMA	Huamanga / Ticllas	Chullumpampa	1
103	t55	NEGRA YANA MARIA	Huamanga / Ticllas	Chullumpampa	1
104	t56	ALLCCA POLUYA	Huamanga / Ticllas	Chullumpampa	1
105	t57	RUCUMA LUCUMA	Huamanga / Ticllas	Chullumpampa	1
106	t58	CHINGO	Huamanga / Ticllas	Chullumpampa	1
107	t59	DIACOLCAPIRO	Huamanga / Ticllas	Ticllas	2
108	t60	PUMA MAKI	Huamanga / Ticllas	Ticllas	2
109	t61	CAMOTILLO	Huamanga / Ticllas	Ticllas	2
110	t62	PUCCIA PUTIS	Huamanga / Ticllas	Ticllas	2
111	t63	YURAQ SISA DURAZNILLA	Huamanga / Ticllas	Ticllas	2
112	t64	YURAQ PUTIS	Huamanga / Ticllas	Ticllas	2
113	t65	PERUANITA	Huamanga / Ticllas	Ticllas	2
114	t66	HUAYRO (PUCA)	Huamanga / Ticllas	Ticllas	2
115	t67	BOLOÑA	Huamanga / Ticllas	Ticllas	2
116	t68	YANA SUCRE	Huamanga / Ticllas	Ticllas	2
117	t69	MUSUQ 1	Huamanga / Ticllas	Ticllas	2
118	t70	TUKUPA RINRIN	Huamanga / Ticllas	Ticllas	2
119	t71	HUANTINA	Huamanga / Ticllas	Ticllas	2
120	t72	WIRAPASÑA	Huamanga / Ticllas	Ticllas	2
121	t73	PUMAPA MAKIN	Huamanga / Ticllas	Ticllas	2
122	t74	RITIPAN SISAN	Huamanga / Ticllas	Ticllas	2
123	t75	CAMOTILLO ROJO	Huamanga / Ticllas	Ticllas	2
124	t76	PUKAMILLCCO PUTIS	Huamanga / Ticllas	Ticllas	2
125	t77	SOQO WAQOTO	Huamanga / Ticllas	Yantayuyq	3
126	t78	CUCHIPA ACAN	Huamanga / Ticllas	Yantayuyq	3

«continuación»

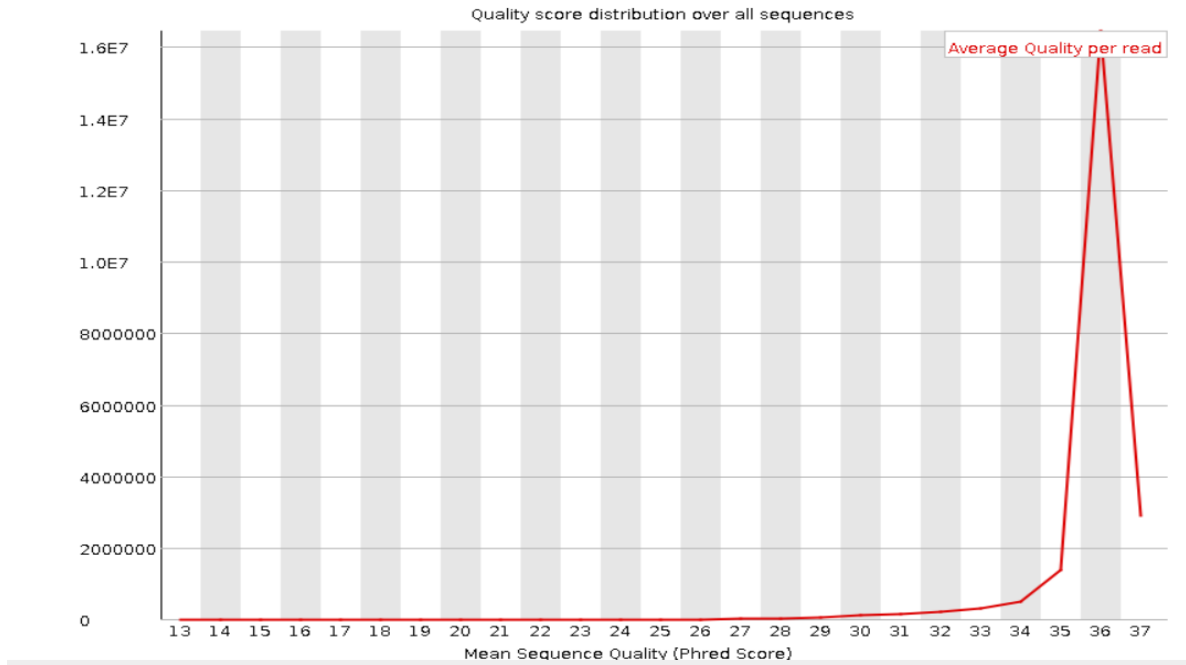
127	t79	WAYRU MACHO	Huamanga / Ticllas	Yantayuq	3
128	t80	HUACCRILLO	Huamanga / Ticllas	Yantayuq	3
129	t81	HUACCRILLO PUTIS	Huamanga / Ticllas	Yantayuq	3
130	t82	YUNGAY	Huamanga / Ticllas	Yantayuq	3
131	t83	KUCHIPA ISPAYNIN	Huamanga / Ticllas	Yantayuq	3
132	t84	QECORANI	Huamanga / Ticllas	Yantayuq	3
133	t85	MUSUQ 2	Huamanga / Ticllas	Yantayuq	3
134	t86	MUSUQ 3	Huamanga / Ticllas	Incapampa	4
135	t87	YURAQ SOLE	Huamanga / Ticllas	Incapampa	4
136	t88	MORAR NAYRA MARY	Huamanga / Ticllas	Incapampa	4
137	t89	DESCONOCIDA	Huamanga / Ticllas	Feria Ticllas	2
138	t90	ANDAHUAYLINA 1	Huamanga / Ticllas	Feria Ticllas	2
139	t91	ANDAHUAYLINA 2	Huamanga / Ticllas	Feria Ticllas	2
140	t92	ANDAHUAYLINA 3	Huamanga / Ticllas	Feria Ticllas	2
141	t93	ANDAHUAYLINA 4	Huamanga / Ticllas	Feria Ticllas	2
142	t94	ANDAHUAYLINA 5	Huamanga / Ticllas	Feria Ticllas	2
143	t95	ANDAHUAYLINA 6	Huamanga / Ticllas	Feria Ticllas	2
144	t96	ANDAHUAYLINA 7	Huamanga / Ticllas	Feria Ticllas	2

ANEXO 2: Análisis cofenético valida los métodos de agrupamiento utilizado, indicando que la distribución de los datos originales no han sido significativamente distorcionados con respecto a los datos de la matriz calculada con el software NTSYS. Existe una correlación de $r = 0.70$ (p value < 0.01).



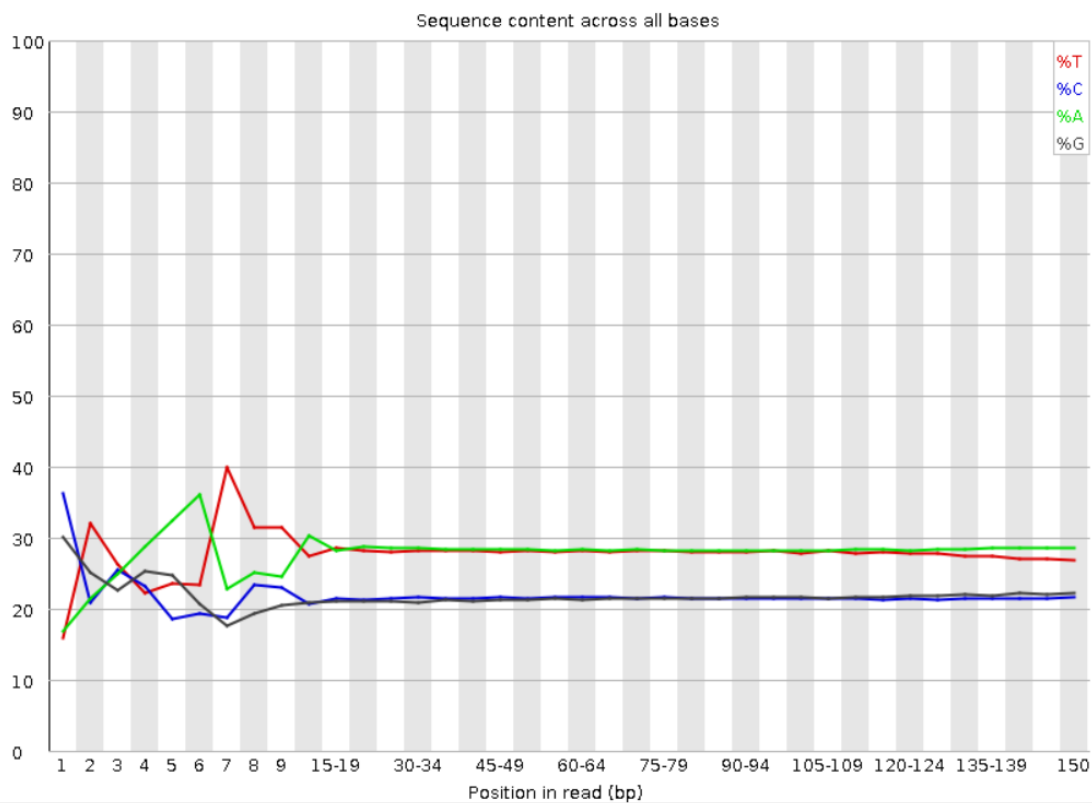
ANEXO 4: Valor phed score, en base a la puntuación por calidad por secuencia (PCPS), fue de 36 para las 24 librerías secuenciadas de *Solanum goniocalix*.

✔ Per sequence quality scores



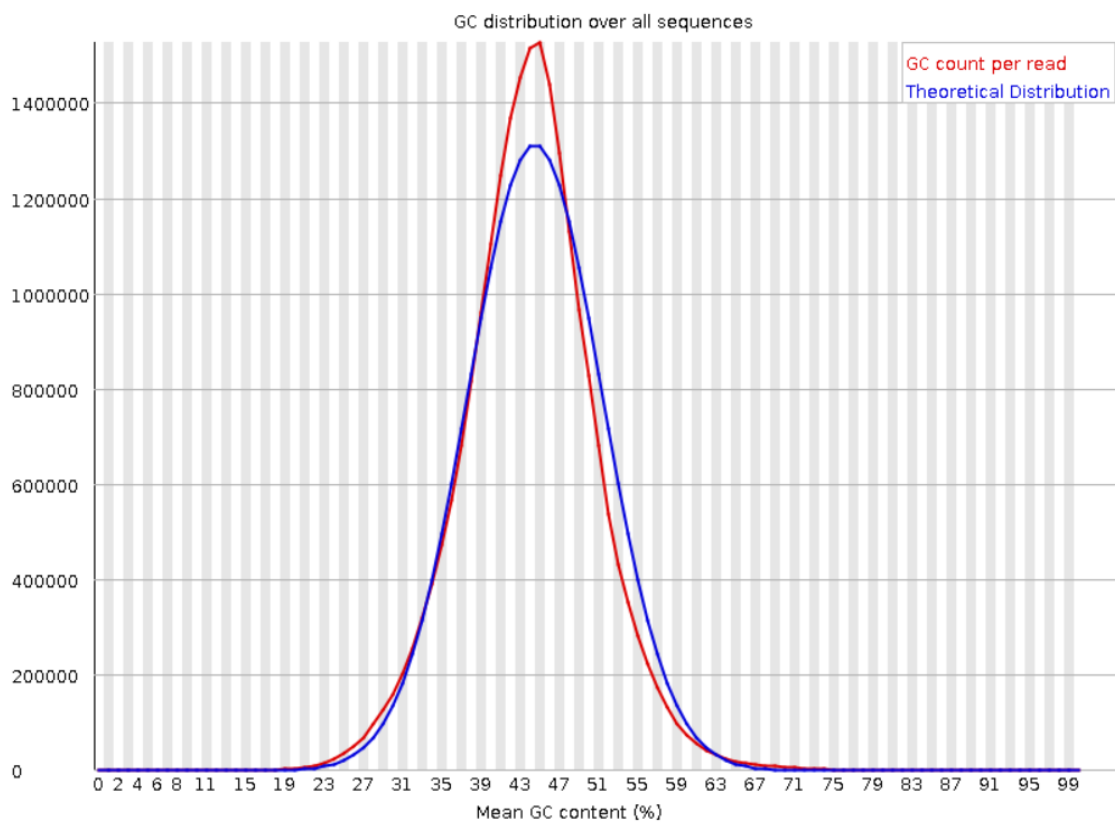
ANEXO 5: Calidad del contenido por base secuenciada (CPBS) promedio de las 24 librerías secuenciadas de *Solanum goniocalix*.

❌ Per base sequence content



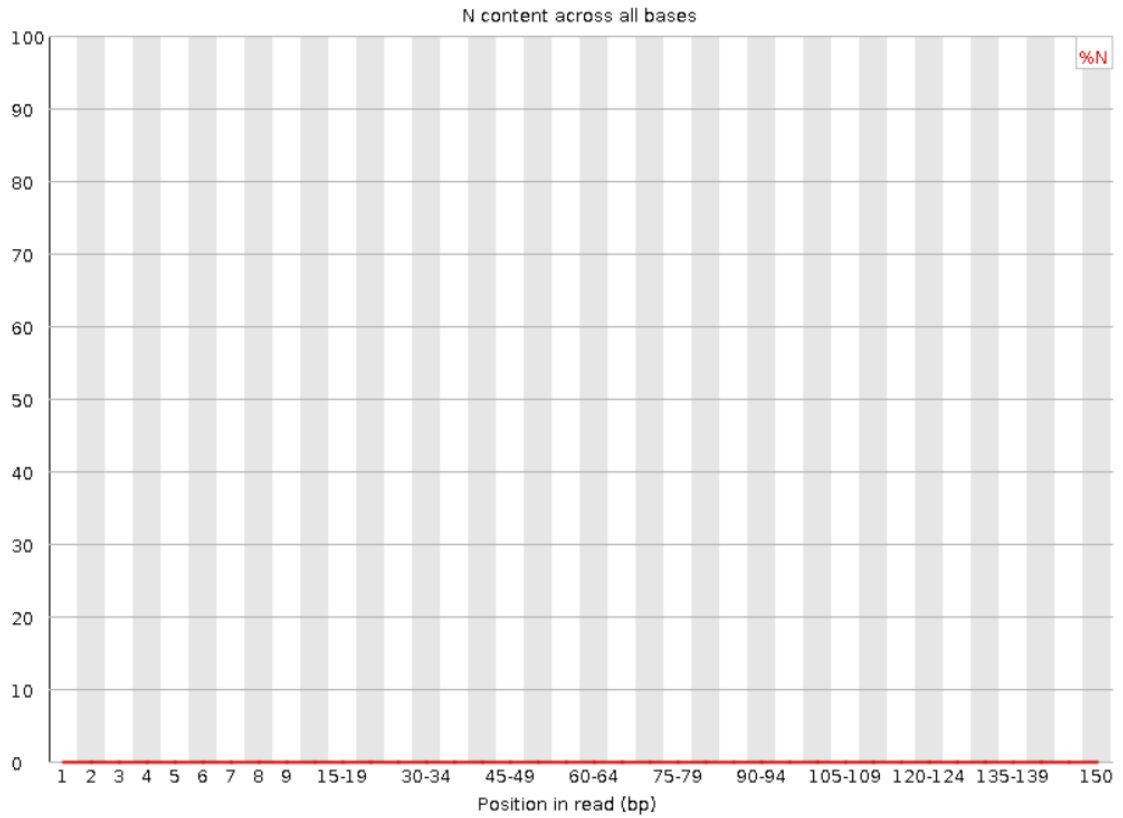
ANEXO 6: Contenido de GC (CGC) promedio en las 24 librerías secuenciadas de *Solanum goniocalix*.

✔ Per sequence GC content



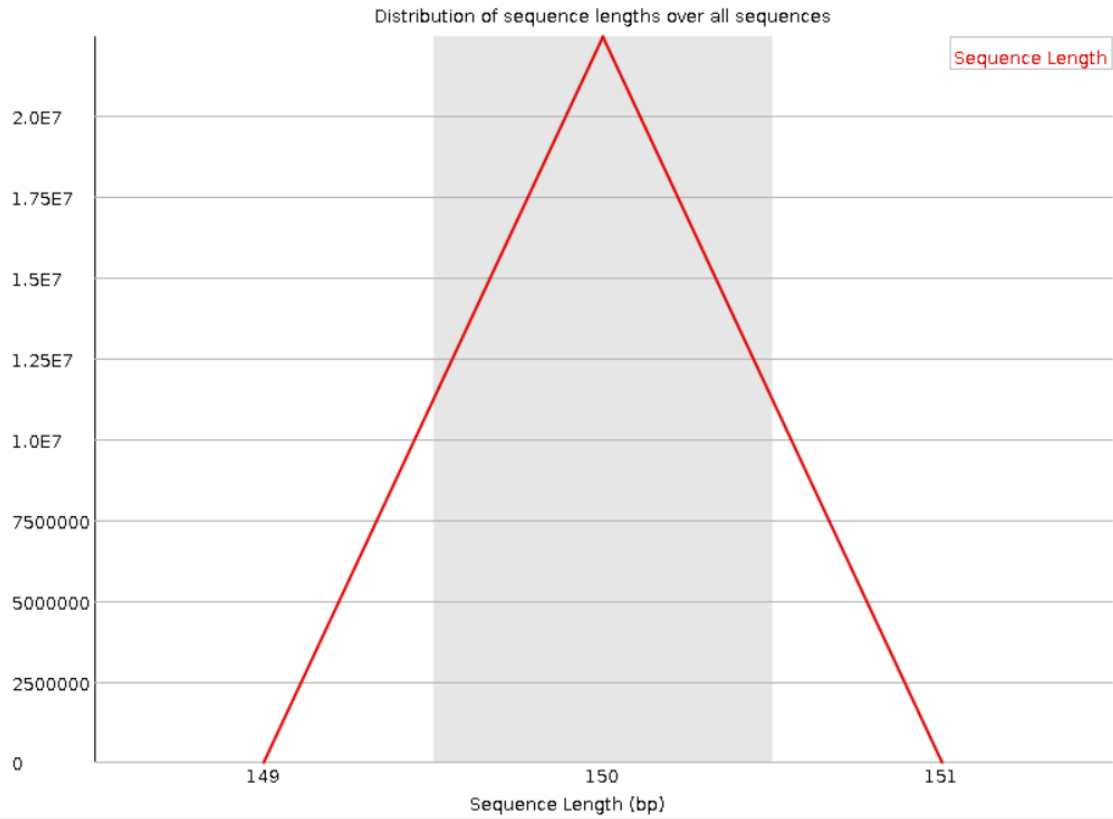
ANEXO 7: Contenido de nucleótidos no identificados por base (CNPB) promedio en las 24 librerías secuenciadas de *Solanum goniocalix*.

 **Per base N content**



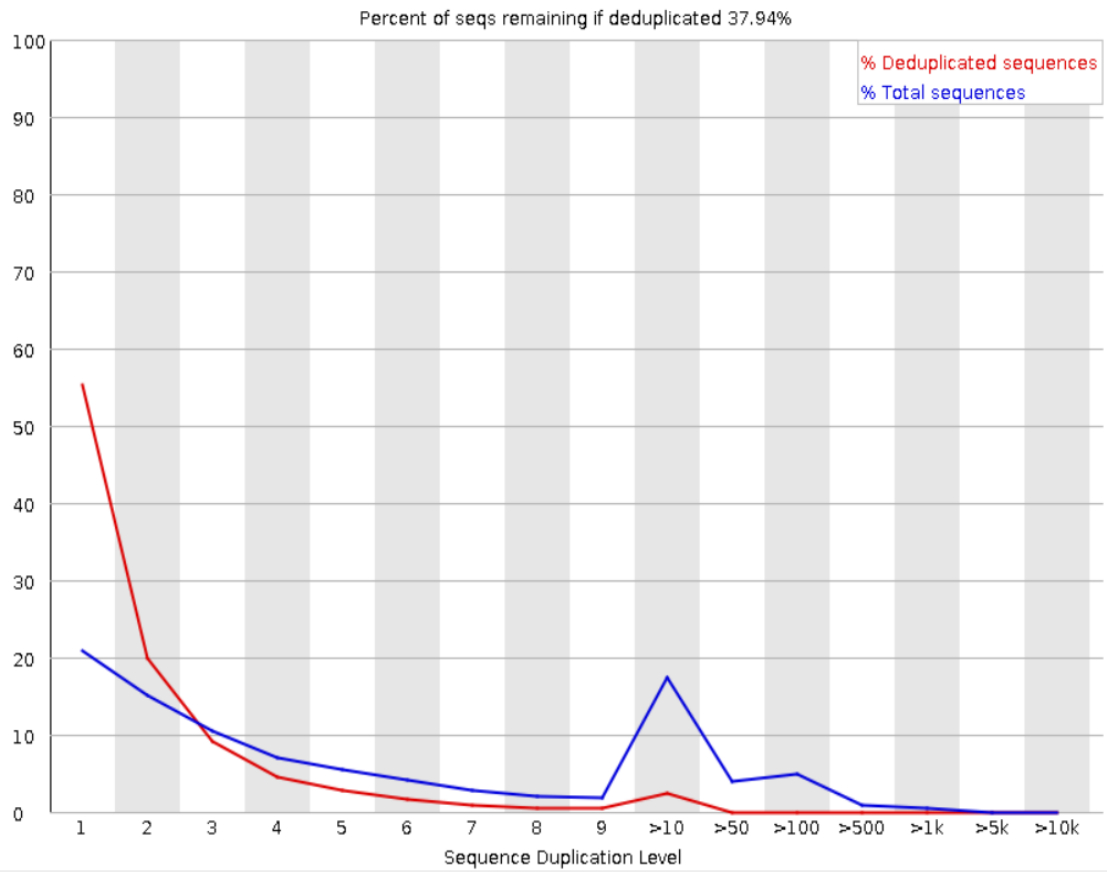
ANEXO 8: Distribución de la longitud de secuencia (DLS) en los reads de las 24 librerías secuenciadas de *Solanum goniocalix*.

✔ Sequence Length Distribution



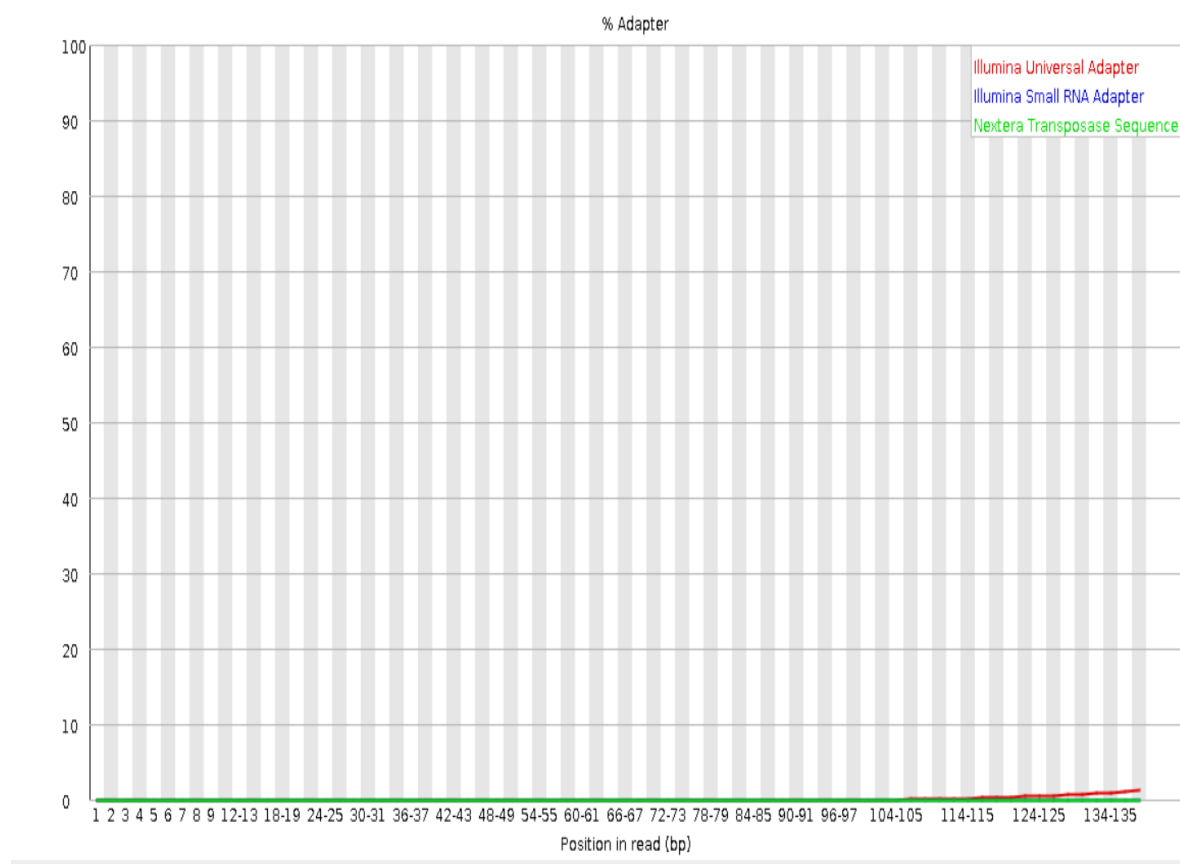
ANEXO 9: Nivel de duplicación por secuencia (NDPS) promedio de los reads de las 24 librerías secuenciadas de *Solanum goniocalix*.

Sequence Duplication Levels



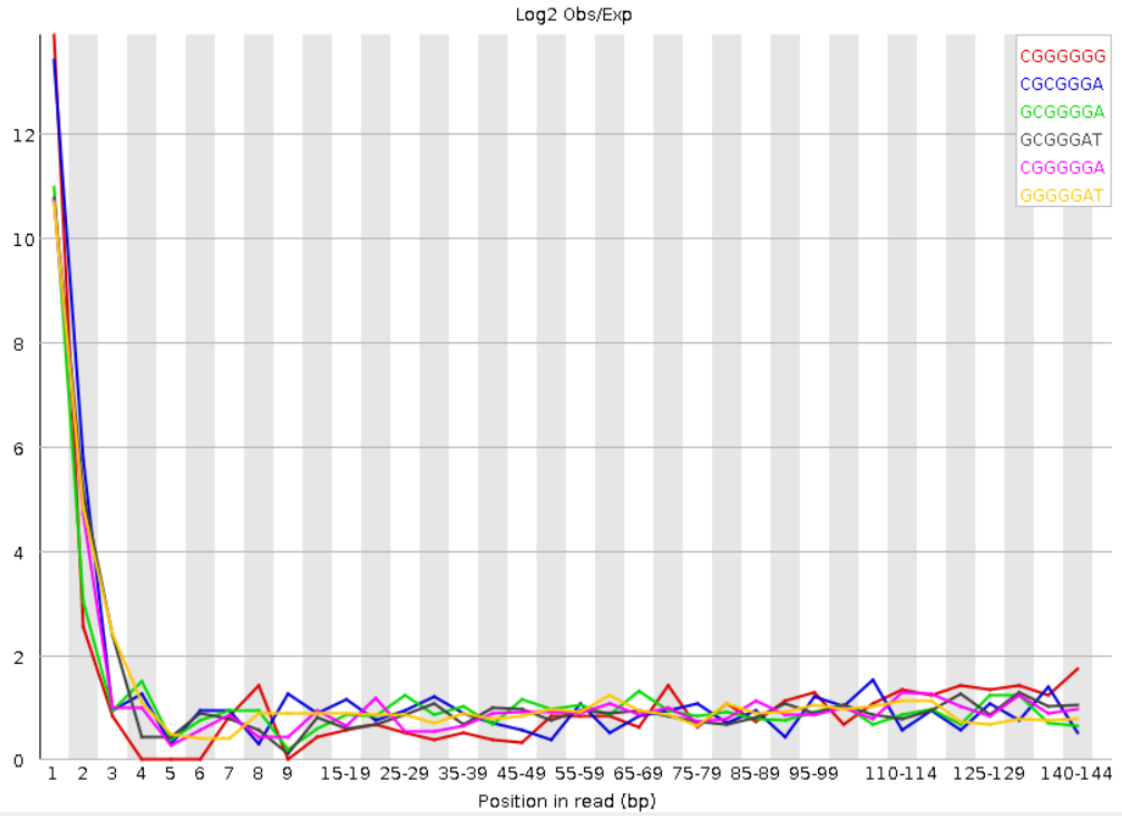
ANEXO 10: Contenido de Adaptadores (CA) en las 24 librerías secuenciadas de *Solanum goniocalix*.

Adapter Content



ANEXO 11: Contenido Kmer promedio en las 24 librerías secuenciadas de *Solanum goniocalix*.

✖ Kmer Content



ANEXO 12: Tabla de 856 genes diferencialmente expresados solo en Sumaq Perqa (*Solanum goniocalix*) entre 48 hpi vs 00 hpi con LogFC de 2 y FDR < 0.001

Gene ID	logFC	logCPM	F	PValue	FDR
PGSC0003DMG401029613	-5.152017	4.85489058	609.544807	2.93E-11	5.63E-07
PGSC0003DMG400006075	4.7460989	6.56345133	522.437298	6.95E-11	5.63E-07
PGSC0003DMG400000110	6.87406035	5.86545829	502.073784	8.68E-11	5.63E-07
PGSC0003DMG400015707	3.62847379	3.23783519	463.103441	1.36E-10	5.75E-07
PGSC0003DMG400006226	-3.06716596	6.66669783	446.309134	1.67E-10	5.75E-07
PGSC0003DMG400024593	-4.07151651	5.29226946	441.622854	1.77E-10	5.75E-07
PGSC0003DMG400021728	5.86851534	4.13762328	401.402503	3.02E-10	8.04E-07
PGSC0003DMG400020636	3.72146362	3.65955451	394.907094	3.31E-10	8.04E-07
PGSC0003DMG400021567	7.01550899	3.92384125	346.038005	6.88E-10	1.43E-06
PGSC0003DMG401030815	6.02354956	3.81554426	341.937463	7.35E-10	1.43E-06
PGSC0003DMG400013036	14.7735453	5.70161833	1203.15093	1.81E-09	3.19E-06
PGSC0003DMG400004599	13.5552876	4.24806792	1146.74878	2.16E-09	3.25E-06
PGSC0003DMG400002221	3.61928346	3.73073588	280.946776	2.17E-09	3.25E-06
PGSC0003DMG401021841	-7.76477144	3.79876759	261.69162	3.21E-09	4.30E-06
PGSC0003DMG400026863	2.74187118	4.31914802	258.919436	3.40E-09	4.30E-06
PGSC0003DMG400003380	-3.17817203	4.92602789	253.700001	3.80E-09	4.30E-06
PGSC0003DMG401007871	2.80818863	4.53365796	253.682462	3.80E-09	4.30E-06
PGSC0003DMG400002871	-10.334081	3.91488574	251.522302	3.98E-09	4.30E-06
PGSC0003DMG400002123	-2.30564665	6.63713032	244.576346	4.64E-09	4.75E-06
PGSC0003DMG400028783	-3.16383351	4.33209414	231.409001	6.28E-09	6.11E-06
PGSC0003DMG400028435	6.41050226	1.98920501	229.047774	6.64E-09	6.15E-06
PGSC0003DMG400018290	4.54054111	3.3640866	221.44019	7.99E-09	7.06E-06
PGSC0003DMG400012950	-4.48071633	3.7737266	217.945675	8.71E-09	7.36E-06
PGSC0003DMG400022094	13.691292	4.40108956	328.415515	1.24E-08	9.60E-06
PGSC0003DMG401024222	12.1606789	2.8747529	709.355531	1.26E-08	9.60E-06
PGSC0003DMG400002732	-5.76309214	4.11101104	202.914193	1.28E-08	9.60E-06
PGSC0003DMG400005471	2.90517498	4.64350741	196.461373	1.53E-08	1.09E-05
PGSC0003DMG400029752	-14.3959791	6.03541564	668.174952	1.57E-08	1.09E-05
PGSC0003DMG400004683	12.5458521	3.06456022	654.423791	1.69E-08	1.10E-05
PGSC0003DMG400011517	-3.91522201	2.94242761	191.782652	1.74E-08	1.10E-05
PGSC0003DMG400005590	-8.78802427	3.06220155	190.902192	1.79E-08	1.10E-05
PGSC0003DMG400028085	12.0916522	2.92446569	643.155254	1.81E-08	1.10E-05
PGSC0003DMG400000655	-7.87298265	5.14095699	188.332239	1.92E-08	1.13E-05
PGSC0003DMG400014867	-4.59572995	4.64735764	186.065012	2.05E-08	1.17E-05
PGSC0003DMG400010738	4.26369749	2.54564001	183.964877	2.18E-08	1.19E-05
PGSC0003DMG400003084	-3.31839567	4.65034396	183.660724	2.20E-08	1.19E-05
PGSC0003DMG402009818	-2.0065424	4.93621497	181.218474	2.37E-08	1.24E-05
PGSC0003DMG400021882	-3.13367698	5.49746962	180.149601	2.44E-08	1.25E-05
PGSC0003DMG400020377	-6.97122436	3.1012181	178.997385	2.53E-08	1.26E-05
PGSC0003DMG400021351	-2.07848267	4.36946332	176.984016	2.69E-08	1.31E-05
PGSC0003DMG400023126	9.3896732	1.65318271	175.696922	2.79E-08	1.33E-05
PGSC0003DMG400012164	-3.43632755	5.34103847	173.03217	3.03E-08	1.40E-05
PGSC0003DMG403029631	4.39619402	3.13624222	170.860302	3.25E-08	1.40E-05
PGSC0003DMG402008955	2.51531644	4.7129241	170.591182	3.28E-08	1.40E-05

«continuación»

PGSC0003DMG400030581	-3.29865603	2.48092753	168.743091	3.47E-08	1.44E-05
PGSC0003DMG400026877	-2.65276448	5.34246486	164.799791	3.94E-08	1.54E-05
PGSC0003DMG400003095	4.06715122	2.36803196	164.770255	3.95E-08	1.54E-05
PGSC0003DMG400031271	-7.3595717	8.47361711	163.886567	4.06E-08	1.55E-05
PGSC0003DMG400014200	4.03484081	5.7005451	162.095266	4.31E-08	1.61E-05
PGSC0003DMG400003342	2.64108743	3.63671385	160.60349	4.53E-08	1.64E-05
PGSC0003DMG400035573	-7.32883697	3.55051897	160.363571	4.56E-08	1.64E-05
PGSC0003DMG400024980	-11.4306442	3.05511208	243.563497	4.86E-08	1.65E-05
PGSC0003DMG400017398	2.50287298	3.24279577	158.296575	4.89E-08	1.65E-05
PGSC0003DMG402024222	4.05018624	4.47377798	154.549768	5.56E-08	1.83E-05
PGSC0003DMG400040510	-3.4814012	3.40855414	154.150543	5.64E-08	1.83E-05
PGSC0003DMG400000783	-2.69664619	9.16239341	153.384591	5.79E-08	1.85E-05
PGSC0003DMG400021875	11.3687483	1.63331037	464.372825	5.94E-08	1.86E-05
PGSC0003DMG400020761	-2.71906623	4.09138658	151.771741	6.12E-08	1.89E-05
PGSC0003DMG400021289	3.14998733	4.12182758	149.745703	6.58E-08	1.98E-05
PGSC0003DMG400005734	2.52020884	8.49823592	149.522566	6.63E-08	1.98E-05
PGSC0003DMG400025108	-3.60337065	6.72218393	147.593545	7.11E-08	2.09E-05
PGSC0003DMG402022579	3.84101776	5.47850526	146.40922	7.42E-08	2.14E-05
PGSC0003DMG400011682	2.11518532	4.32148589	146.124442	7.49E-08	2.14E-05
PGSC0003DMG400018253	-4.52618545	2.54110401	143.35551	8.30E-08	2.30E-05
PGSC0003DMG400002658	8.0378896	3.15051092	143.022121	8.40E-08	2.30E-05
PGSC0003DMG400017323	9.55644603	1.57911477	142.545075	8.55E-08	2.30E-05
PGSC0003DMG400022859	-9.84439263	3.62215214	142.344422	8.61E-08	2.30E-05
PGSC0003DMG400016207	2.63977662	8.08163056	141.934381	8.75E-08	2.30E-05
PGSC0003DMG402017380	3.22372711	4.215241	141.288857	8.96E-08	2.32E-05
PGSC0003DMG400000063	-2.51706375	5.07854595	141.030622	9.05E-08	2.32E-05
PGSC0003DMG400023485	-11.1031108	1.73882265	407.024815	9.61E-08	2.42E-05
PGSC0003DMG401031520	-5.27962354	4.37445759	139.199476	9.70E-08	2.42E-05
PGSC0003DMG400008805	2.34014757	3.94934787	138.556677	9.94E-08	2.45E-05
PGSC0003DMG400002552	-3.79580137	8.9975548	137.750649	1.03E-07	2.49E-05
PGSC0003DMG400024829	2.87136709	3.05319105	137.090432	1.05E-07	2.53E-05
PGSC0003DMG400027852	-3.66935566	3.40991097	136.090899	1.09E-07	2.59E-05
PGSC0003DMG400010050	-3.29861798	6.85431163	135.756265	1.11E-07	2.59E-05
PGSC0003DMG400022039	3.44607747	5.90500526	135.503308	1.12E-07	2.59E-05
PGSC0003DMG400011950	2.88056413	7.86083907	135.17073	1.13E-07	2.59E-05
PGSC0003DMG400022744	8.78826873	2.31942587	133.955048	1.19E-07	2.66E-05
PGSC0003DMG400016517	2.89048829	2.98306195	133.592885	1.21E-07	2.67E-05
PGSC0003DMG400022263	2.77986995	8.61766027	132.941682	1.24E-07	2.70E-05
PGSC0003DMG400013161	12.5009187	3.02328993	375.781793	1.29E-07	2.78E-05
PGSC0003DMG400021874	12.7936612	3.54499847	370.055434	1.36E-07	2.91E-05
PGSC0003DMG400022022	2.22207656	9.34237657	129.651655	1.41E-07	2.94E-05
PGSC0003DMG400016518	3.9520865	2.21373562	129.507761	1.42E-07	2.94E-05
PGSC0003DMG400010422	2.63732234	6.48749646	129.083582	1.45E-07	2.94E-05
PGSC0003DMG400021985	10.762608	1.37511805	363.354559	1.45E-07	2.94E-05
PGSC0003DMG400018351	2.59984436	8.27386053	127.809863	1.52E-07	3.05E-05
PGSC0003DMG400002559	2.6956346	7.39796845	127.250348	1.56E-07	3.09E-05
PGSC0003DMG400030804	3.14358718	5.08233613	125.713317	1.66E-07	3.26E-05

«continuación»

PGSC0003DMG400017974	-2.27057514	3.00619358	124.591792	1.74E-07	3.32E-05
PGSC0003DMG400014286	10.3646388	1.52848351	343.38086	1.78E-07	3.37E-05
PGSC0003DMG400008596	-8.27337284	1.80749092	123.690493	1.81E-07	3.39E-05
PGSC0003DMG400017246	-6.21221189	2.53904571	122.852435	1.88E-07	3.41E-05
PGSC0003DMG400012083	-3.3905553	2.62170297	122.848087	1.88E-07	3.41E-05
PGSC0003DMG400019774	11.4559672	2.12597538	337.457214	1.90E-07	3.42E-05
PGSC0003DMG400031547	-11.7471046	2.64199924	335.049718	1.95E-07	3.45E-05
PGSC0003DMG400002173	2.75309911	5.49926472	121.617522	1.98E-07	3.47E-05
PGSC0003DMG400000569	2.37878962	8.0562361	120.467855	2.08E-07	3.58E-05
PGSC0003DMG400026162	6.02699532	1.61089278	119.949063	2.13E-07	3.63E-05
PGSC0003DMG400014369	-2.04466266	6.4903654	119.760499	2.14E-07	3.63E-05
PGSC0003DMG400000521	-2.38146448	3.30777724	117.093612	2.41E-07	3.99E-05
PGSC0003DMG400002146	2.12134138	8.23928388	117.016008	2.42E-07	3.99E-05
PGSC0003DMG402015926	3.18048639	6.40754096	116.810407	2.44E-07	3.99E-05
PGSC0003DMG400027639	-8.75951155	1.52656481	169.200026	2.51E-07	4.00E-05
PGSC0003DMG400018789	-5.16514124	6.32435225	115.75356	2.56E-07	4.00E-05
PGSC0003DMG400031303	-7.45944302	2.41283294	115.70692	2.57E-07	4.00E-05
PGSC0003DMG400029159	3.39048521	5.52358457	115.686242	2.57E-07	4.00E-05
PGSC0003DMG400013478	-2.27587374	4.98957809	115.661491	2.57E-07	4.00E-05
PGSC0003DMG400013210	10.7496936	1.41817042	308.952172	2.62E-07	4.02E-05
PGSC0003DMG400021287	3.07381914	10.575271	115.237764	2.62E-07	4.02E-05
PGSC0003DMG400024644	4.56289697	4.92001634	114.670216	2.69E-07	4.08E-05
PGSC0003DMG400002847	-4.74208994	3.41120504	114.548497	2.71E-07	4.08E-05
PGSC0003DMG400018839	-2.13978071	3.29703062	114.223346	2.75E-07	4.11E-05
PGSC0003DMG400014172	3.18683892	5.02157672	113.883188	2.79E-07	4.14E-05
PGSC0003DMG400030834	3.22399651	6.94559574	113.394628	2.85E-07	4.21E-05
PGSC0003DMG400043507	5.32576791	2.98428184	112.254106	3.01E-07	4.33E-05
PGSC0003DMG400008488	2.90657254	11.3066556	112.107694	3.03E-07	4.33E-05
PGSC0003DMG400006085	2.44760353	7.00055965	111.094749	3.18E-07	4.51E-05
PGSC0003DMG400037701	-10.7273181	1.20663109	288.97726	3.34E-07	4.65E-05
PGSC0003DMG400029750	-8.3611655	3.77063396	109.967063	3.35E-07	4.65E-05
PGSC0003DMG400016453	2.31250909	9.29629675	109.835888	3.37E-07	4.65E-05
PGSC0003DMG400021783	-5.42190873	3.00090847	108.819997	3.54E-07	4.84E-05
PGSC0003DMG400016287	-2.64710143	4.4784506	108.35154	3.62E-07	4.92E-05
PGSC0003DMG400017997	2.61873489	5.18058071	108.015602	3.68E-07	4.95E-05
PGSC0003DMG400002217	5.93394424	3.35433656	107.954767	3.69E-07	4.95E-05
PGSC0003DMG400014299	5.65339815	3.27518362	107.669277	3.74E-07	4.96E-05
PGSC0003DMG400000862	3.66606141	1.11856145	107.04881	3.85E-07	4.96E-05
PGSC0003DMG400024459	-2.02069356	4.31908485	106.946755	3.87E-07	4.96E-05
PGSC0003DMG400018446	2.44639641	7.17592706	106.392027	3.98E-07	4.99E-05
PGSC0003DMG400025098	2.89261029	5.11107762	105.581394	4.14E-07	5.13E-05
PGSC0003DMG400004639	2.61156388	9.2993287	105.205321	4.21E-07	5.14E-05
PGSC0003DMG400008628	9.66290248	0.56181454	150.594467	4.23E-07	5.14E-05
PGSC0003DMG400027019	-3.85297414	3.3673735	104.98365	4.26E-07	5.15E-05
PGSC0003DMG400015687	-2.36340989	3.70158261	104.465517	4.37E-07	5.21E-05
PGSC0003DMG401030805	10.2599561	0.44468609	149.328971	4.39E-07	5.21E-05
PGSC0003DMG400015071	10.1351551	0.90095566	265.276341	4.55E-07	5.36E-05

«continuación»

PGSC0003DMG400011670	-10.8435965	1.3533166	263.722042	4.64E-07	5.44E-05
PGSC0003DMG400002408	3.96405092	2.2562951	102.765317	4.76E-07	5.54E-05
PGSC0003DMG400006381	2.00572556	7.03331949	102.327527	4.87E-07	5.56E-05
PGSC0003DMG400029132	6.69200054	2.62869404	102.24548	4.89E-07	5.56E-05
PGSC0003DMG400016293	2.17180961	5.93541291	101.947663	4.96E-07	5.56E-05
PGSC0003DMG401023369	11.4073206	1.84316434	258.330646	5.00E-07	5.56E-05
PGSC0003DMG400013696	-4.8917968	4.55899769	101.644679	5.04E-07	5.56E-05
PGSC0003DMG400026876	-3.24543197	3.18317646	101.580017	5.05E-07	5.56E-05
PGSC0003DMG400019080	7.5442361	1.99153177	101.566995	5.06E-07	5.56E-05
PGSC0003DMG400042461	10.4179109	1.08805225	257.179312	5.09E-07	5.56E-05
PGSC0003DMG400029523	12.5242952	2.79043772	256.332432	5.15E-07	5.57E-05
PGSC0003DMG400006727	-3.64832014	4.18358159	100.553547	5.33E-07	5.66E-05
PGSC0003DMG400016961	2.57728396	6.79370187	99.9715105	5.49E-07	5.80E-05
PGSC0003DMG400033084	5.74105376	5.43414701	99.8734036	5.52E-07	5.80E-05
PGSC0003DMG400035539	11.187521	1.54933472	249.826093	5.65E-07	5.91E-05
PGSC0003DMG400021389	4.23220683	1.73534605	99.0376818	5.76E-07	5.94E-05
PGSC0003DMG400025547	-11.1989806	2.1117301	248.298399	5.77E-07	5.94E-05
PGSC0003DMG400030172	5.27081215	4.95829537	98.893369	5.80E-07	5.94E-05
PGSC0003DMG400024765	-3.86751891	4.49755651	98.3019358	5.99E-07	6.05E-05
PGSC0003DMG400015040	11.0652776	1.50220834	245.613252	6.00E-07	6.05E-05
PGSC0003DMG400015480	10.5241505	1.12861081	244.992733	6.06E-07	6.05E-05
PGSC0003DMG401012062	10.3628981	1.11153263	138.848429	6.07E-07	6.05E-05
PGSC0003DMG400032556	2.3949422	4.13600903	97.6589016	6.19E-07	6.11E-05
PGSC0003DMG400018462	2.56035569	2.44271404	97.5437139	6.23E-07	6.11E-05
PGSC0003DMG401022708	5.47127266	-0.03192776	97.464732	6.26E-07	6.11E-05
PGSC0003DMG400020141	3.0257833	6.99409651	97.1314855	6.37E-07	6.13E-05
PGSC0003DMG400041071	-2.24290217	3.66292574	96.2609899	6.67E-07	6.30E-05
PGSC0003DMG400002626	2.73067601	9.59339106	96.1700442	6.70E-07	6.30E-05
PGSC0003DMG400000926	2.14378597	10.8463529	96.1592065	6.71E-07	6.30E-05
PGSC0003DMG400007672	-2.68389277	7.78463777	95.9956392	6.76E-07	6.33E-05
PGSC0003DMG400031822	2.98777836	3.69873126	95.7638528	6.85E-07	6.35E-05
PGSC0003DMG400022448	2.78811573	3.59876086	95.7536376	6.85E-07	6.35E-05
PGSC0003DMG401028709	2.05366106	4.07481292	95.5523503	6.93E-07	6.39E-05
PGSC0003DMG400003446	4.32627343	4.44631896	95.3001575	7.02E-07	6.42E-05
PGSC0003DMG400002901	2.95360524	6.72793327	95.2609562	7.04E-07	6.42E-05
PGSC0003DMG402028574	2.04564854	6.83802301	94.6612293	7.27E-07	6.51E-05
PGSC0003DMG400007469	-2.031833	3.69830054	94.5948402	7.30E-07	6.51E-05
PGSC0003DMG400023826	-2.80596262	2.27491186	94.3708732	7.39E-07	6.53E-05
PGSC0003DMG400017550	-3.24991377	4.75419598	93.6592686	7.68E-07	6.73E-05
PGSC0003DMG400002427	-3.80182383	4.27267354	93.1689237	7.89E-07	6.85E-05
PGSC0003DMG400009888	2.98420377	4.15008445	93.0617341	7.93E-07	6.86E-05
PGSC0003DMG400001078	2.1201487	8.1942909	92.1841973	8.33E-07	7.17E-05
PGSC0003DMG400024363	-3.80950578	2.52194444	92.085207	8.37E-07	7.18E-05
PGSC0003DMG400003345	-5.67294531	2.80675401	91.7111262	8.55E-07	7.29E-05
PGSC0003DMG402009228	3.49804906	2.42580598	91.6430912	8.58E-07	7.29E-05
PGSC0003DMG400038425	-10.6697724	1.63449522	222.145761	8.62E-07	7.29E-05
PGSC0003DMG400029822	-11.8850697	2.40971654	221.196597	8.75E-07	7.35E-05

«continuación»

PGSC0003DMG40000204	2.54432698	9.59370272	90.9948856	8.90E-07	7.40E-05
PGSC0003DMG400024243	-4.06657844	1.62303173	90.9027495	8.95E-07	7.41E-05
PGSC0003DMG400017240	8.01895983	0.98867848	90.7531072	9.02E-07	7.44E-05
PGSC0003DMG402023368	10.5521221	1.00475532	218.781987	9.11E-07	7.45E-05
PGSC0003DMG400023479	10.2270036	0.71817303	218.72019	9.12E-07	7.45E-05
PGSC0003DMG400014589	-11.2391026	1.93767181	126.502693	9.15E-07	7.45E-05
PGSC0003DMG401015527	-4.77964332	2.43120802	90.3629257	9.22E-07	7.48E-05
PGSC0003DMG402018777	-2.72813228	7.55605313	90.1870835	9.32E-07	7.52E-05
PGSC0003DMG400007925	7.50119387	-0.14932796	90.1079027	9.36E-07	7.52E-05
PGSC0003DMG400027638	-6.85635658	3.88304554	89.9060365	9.47E-07	7.57E-05
PGSC0003DMG400006722	5.30897939	3.82002525	89.8451607	9.50E-07	7.57E-05
PGSC0003DMG400017778	3.43127883	5.72094159	89.6600693	9.60E-07	7.62E-05
PGSC0003DMG400030998	3.05487097	7.94114316	89.4173623	9.73E-07	7.66E-05
PGSC0003DMG401032501	4.07275556	2.01572017	88.9907176	9.97E-07	7.79E-05
PGSC0003DMG400032496	10.1813815	1.01429116	213.308829	9.97E-07	7.79E-05
PGSC0003DMG400001915	5.05843273	4.39120321	88.9234136	1.00E-06	7.79E-05
PGSC0003DMG400011295	2.74712534	8.83131672	88.7202284	1.01E-06	7.85E-05
PGSC0003DMG400007870	5.97327597	1.43189161	88.4718859	1.03E-06	7.93E-05
PGSC0003DMG400026281	2.05242546	6.84262466	87.7074382	1.07E-06	8.22E-05
PGSC0003DMG400005060	-4.61113311	0.94403636	87.4622414	1.09E-06	8.31E-05
PGSC0003DMG400030994	-4.39024761	3.86773732	87.2362749	1.10E-06	8.39E-05
PGSC0003DMG400018169	6.82659887	2.55089325	87.1610384	1.11E-06	8.39E-05
PGSC0003DMG402009291	2.29671008	8.80727389	86.2439176	1.17E-06	8.65E-05
PGSC0003DMG400019363	2.23554675	6.81882358	86.1805894	1.17E-06	8.65E-05
PGSC0003DMG402017239	7.80481839	1.70125842	119.357645	1.18E-06	8.68E-05
PGSC0003DMG400006569	-2.24729043	3.40129809	85.8688437	1.20E-06	8.70E-05
PGSC0003DMG400019604	10.8604527	1.23238596	202.556893	1.20E-06	8.70E-05
PGSC0003DMG400007427	2.1965639	4.5273013	85.7792221	1.20E-06	8.70E-05
PGSC0003DMG400014588	7.68550586	0.47410283	118.778423	1.21E-06	8.70E-05
PGSC0003DMG400013975	-3.97873074	4.6999409	85.5876853	1.22E-06	8.70E-05
PGSC0003DMG400019883	3.15891785	6.73635377	85.2814164	1.24E-06	8.78E-05
PGSC0003DMG400019823	2.85935255	7.16110982	85.2407962	1.24E-06	8.78E-05
PGSC0003DMG400024197	-3.14738755	7.1923434	84.7554541	1.28E-06	8.94E-05
PGSC0003DMG400011269	2.07880872	3.15020629	84.487293	1.30E-06	9.01E-05
PGSC0003DMG400025737	2.5778505	5.67767303	84.4333593	1.30E-06	9.01E-05
PGSC0003DMG400013109	-4.28868598	1.16636981	84.384459	1.31E-06	9.01E-05
PGSC0003DMG400024277	-10.0080758	0.43214821	197.644513	1.31E-06	9.01E-05
PGSC0003DMG400006913	-2.73904448	5.15947441	84.0993153	1.33E-06	9.08E-05
PGSC0003DMG400004979	-10.3997567	1.37240029	195.886917	1.35E-06	9.14E-05
PGSC0003DMG400005661	-2.1076649	5.17214008	83.782142	1.36E-06	9.14E-05
PGSC0003DMG400031165	2.48461737	1.79999148	83.1140047	1.41E-06	9.35E-05
PGSC0003DMG400026566	-3.22620787	2.66062175	83.0855759	1.41E-06	9.35E-05
PGSC0003DMG400027673	2.16922656	6.07281999	82.9621271	1.42E-06	9.35E-05
PGSC0003DMG400024391	2.27793434	3.19581579	82.8387528	1.44E-06	9.35E-05
PGSC0003DMG402025828	4.28499966	1.28138616	82.8195367	1.44E-06	9.35E-05
PGSC0003DMG400028873	-10.5426666	1.10855388	192.301085	1.45E-06	9.35E-05
PGSC0003DMG400028958	3.50348783	3.50102807	82.4944465	1.47E-06	9.40E-05

«continuación»

PGSC0003DMG400004355	2.38506928	10.5073636	82.3972546	1.47E-06	9.40E-05
PGSC0003DMG400022070	9.94504425	0.64064597	191.108815	1.48E-06	9.40E-05
PGSC0003DMG400007177	2.3296522	4.15398826	81.9381203	1.52E-06	9.55E-05
PGSC0003DMG400002293	2.11232612	2.68165525	81.7541774	1.53E-06	9.63E-05
PGSC0003DMG400037235	7.7709467	0.02050912	112.001503	1.56E-06	9.75E-05
PGSC0003DMG400032590	-3.30103204	1.0641677	81.1934458	1.59E-06	9.87E-05
PGSC0003DMG400036554	-10.2246916	0.64159042	186.848437	1.60E-06	9.93E-05
PGSC0003DMG400003313	-3.72608405	3.58949375	80.936886	1.61E-06	9.95E-05
PGSC0003DMG400004600	9.96079961	0.84011179	186.209991	1.62E-06	9.95E-05
PGSC0003DMG400026913	2.31020924	9.10822453	80.8080054	1.63E-06	9.95E-05
PGSC0003DMG400014264	2.06666491	4.36422657	80.7249223	1.64E-06	9.98E-05
PGSC0003DMG400025444	-9.471878	1.25889548	80.670401	1.64E-06	9.98E-05
PGSC0003DMG400007571	2.08348414	8.75493045	80.5810781	1.65E-06	0.00010003
PGSC0003DMG400014284	2.85647344	2.10179555	80.4444779	1.66E-06	0.00010058
PGSC0003DMG400022699	-2.62742344	2.75864803	80.3360828	1.68E-06	0.00010095
PGSC0003DMG400028382	2.10792437	8.89209347	80.0848512	1.70E-06	0.0001016
PGSC0003DMG400017330	-3.04108175	2.83537796	80.0287296	1.71E-06	0.0001016
PGSC0003DMG400012888	2.70445393	8.53745331	79.9610553	1.72E-06	0.0001016
PGSC0003DMG400012522	-2.63094628	6.48795017	79.9540921	1.72E-06	0.0001016
PGSC0003DMG400013559	-4.84156295	2.97902927	79.9413964	1.72E-06	0.0001016
PGSC0003DMG400033357	-4.67683113	1.99941769	79.814856	1.73E-06	0.0001018
PGSC0003DMG400012577	-2.30020812	7.71416143	79.5039334	1.77E-06	0.00010351
PGSC0003DMG400025239	3.95472418	2.58194635	79.136732	1.81E-06	0.00010439
PGSC0003DMG400042297	-10.0623135	1.00325126	180.337151	1.82E-06	0.00010439
PGSC0003DMG400024812	2.15566463	8.37334576	78.9881808	1.83E-06	0.00010439
PGSC0003DMG400016996	-3.60790315	3.97165146	78.9828559	1.83E-06	0.00010439
PGSC0003DMG400011530	2.50168246	11.4822218	78.9605602	1.83E-06	0.00010439
PGSC0003DMG400032160	-2.12694831	7.53119638	78.8917723	1.84E-06	0.00010439
PGSC0003DMG400029474	7.47726359	1.84454557	78.8400206	1.84E-06	0.00010439
PGSC0003DMG400029504	3.70613507	2.57283951	78.8399422	1.84E-06	0.00010439
PGSC0003DMG400045937	-9.80964221	0.51567709	179.369287	1.86E-06	0.00010439
PGSC0003DMG400016067	9.86522417	0.47614161	107.64546	1.86E-06	0.00010439
PGSC0003DMG400007664	-9.75482208	0.39993183	179.178616	1.86E-06	0.00010442
PGSC0003DMG400015897	-3.88100961	2.82821791	78.3759967	1.90E-06	0.00010581
PGSC0003DMG400034093	-10.2763317	0.63020994	177.662045	1.92E-06	0.00010619
PGSC0003DMG400034710	-10.1531958	1.28869656	177.255465	1.94E-06	0.00010668
PGSC0003DMG400034531	9.71915563	0.30244927	176.597746	1.96E-06	0.0001075
PGSC0003DMG400022676	3.23110995	1.523314	77.7938785	1.97E-06	0.00010756
PGSC0003DMG400014384	-2.86701796	2.23858218	77.6923896	1.98E-06	0.00010756
PGSC0003DMG400021727	2.12232766	10.9800401	77.6880093	1.98E-06	0.00010756
PGSC0003DMG400027671	2.10483163	10.05341	77.6408255	1.99E-06	0.00010756
PGSC0003DMG401015009	2.54399241	1.80485212	77.3495286	2.03E-06	0.000109
PGSC0003DMG402028319	2.14263678	6.23061212	77.2637739	2.04E-06	0.00010913
PGSC0003DMG400008358	-2.2237357	5.32093843	77.176689	2.05E-06	0.00010913
PGSC0003DMG400018934	-3.38518138	2.80311582	77.1630405	2.05E-06	0.00010913
PGSC0003DMG400011628	4.01294438	0.36598744	76.8623278	2.09E-06	0.00011098
PGSC0003DMG400031279	-10.1906342	0.90005915	173.061375	2.11E-06	0.00011146

«continuación»

PGSC0003DMG400024432	7.03303021	0.48576085	76.668537	2.12E-06	0.00011179
PGSC0003DMG400021822	9.45034579	0.1106047	172.656275	2.13E-06	0.00011179
PGSC0003DMG400000493	4.34198567	11.7991216	76.522968	2.14E-06	0.00011213
PGSC0003DMG400027047	6.02528252	6.21417223	76.3718421	2.16E-06	0.00011256
PGSC0003DMG400018657	2.61280382	7.6951315	76.2907073	2.17E-06	0.00011256
PGSC0003DMG400000718	3.29080804	2.8050572	76.2825154	2.18E-06	0.00011256
PGSC0003DMG400018174	3.85506623	2.09680902	76.2781655	2.18E-06	0.00011256
PGSC0003DMG400021831	-2.41967039	8.09914536	75.967592	2.22E-06	0.00011337
PGSC0003DMG400000996	9.94046355	0.41193153	170.251003	2.24E-06	0.00011381
PGSC0003DMG401019239	3.79214653	2.4629664	75.6392869	2.27E-06	0.00011445
PGSC0003DMG400002068	5.79038577	1.43512558	75.6188899	2.27E-06	0.00011445
PGSC0003DMG400031523	-7.24475131	8.78843085	75.6151876	2.27E-06	0.00011445
PGSC0003DMG400023762	-10.1028359	2.90153063	102.715336	2.28E-06	0.00011445
PGSC0003DMG400021749	-10.2932224	0.91311739	168.903675	2.30E-06	0.00011499
PGSC0003DMG401014864	3.35308766	1.95468022	75.3155431	2.32E-06	0.00011565
PGSC0003DMG400000398	-2.61092516	9.33616032	75.0146565	2.37E-06	0.00011638
PGSC0003DMG400014468	-7.78023065	0.95477743	74.9530949	2.38E-06	0.00011638
PGSC0003DMG400010844	-6.89351235	1.19855753	74.59722	2.43E-06	0.00011827
PGSC0003DMG400013730	9.89582364	0.48647675	165.848871	2.45E-06	0.00011827
PGSC0003DMG400033042	10.0389321	0.55556913	100.942079	2.46E-06	0.00011827
PGSC0003DMG400031277	-10.3040196	0.89430298	165.407492	2.48E-06	0.00011893
PGSC0003DMG400024594	-5.377393	4.5850402	74.1639896	2.50E-06	0.0001197
PGSC0003DMG400000125	2.34034939	7.42434795	74.0070562	2.53E-06	0.00012035
PGSC0003DMG400024181	3.10261352	2.81554119	73.9379724	2.54E-06	0.00012035
PGSC0003DMG400005632	3.82403573	0.52631291	73.4829481	2.62E-06	0.00012351
PGSC0003DMG400027759	-2.93050066	3.13168305	73.4485707	2.63E-06	0.00012351
PGSC0003DMG400009169	10.8077836	1.13590933	161.369553	2.71E-06	0.0001262
PGSC0003DMG400029129	9.91611224	0.24742642	160.970609	2.73E-06	0.00012671
PGSC0003DMG400027129	2.14751654	7.02680488	72.6653975	2.77E-06	0.00012813
PGSC0003DMG400029099	-2.6247838	2.48114972	72.4476455	2.81E-06	0.00012945
PGSC0003DMG400027357	-2.07163742	2.71126291	72.3382947	2.84E-06	0.00012981
PGSC0003DMG400017234	-2.49010689	2.80337598	72.2160068	2.86E-06	0.00013059
PGSC0003DMG400013551	2.52922344	7.95866612	72.184075	2.87E-06	0.00013059
PGSC0003DMG400002433	-9.56277781	0.46038609	158.047809	2.91E-06	0.00013209
PGSC0003DMG400031274	-10.3782087	0.73535308	157.679457	2.94E-06	0.00013288
PGSC0003DMG400011953	5.44326153	8.53059596	71.6834838	2.97E-06	0.00013363
PGSC0003DMG400021247	5.43360161	3.76260385	70.9341496	3.13E-06	0.00013919
PGSC0003DMG400014386	2.61260629	11.131988	70.760737	3.17E-06	0.00013993
PGSC0003DMG400017318	-4.40317097	2.18472499	70.6578572	3.19E-06	0.00014042
PGSC0003DMG400015872	-3.40614206	5.55126106	70.6467033	3.19E-06	0.00014042
PGSC0003DMG400016444	2.04271342	9.5693072	70.5208393	3.22E-06	0.00014103
PGSC0003DMG400006737	3.01075592	4.15750278	70.2861511	3.27E-06	0.00014203
PGSC0003DMG402012062	10.0870766	0.91031365	152.930812	3.27E-06	0.00014203
PGSC0003DMG400004576	-4.93486114	1.17295799	70.2465558	3.28E-06	0.00014203
PGSC0003DMG400022592	4.24072035	3.50325483	70.1964497	3.29E-06	0.00014203
PGSC0003DMG400004168	2.64733017	6.27907122	70.0294903	3.33E-06	0.00014248
PGSC0003DMG401022140	-3.33991563	3.14437573	69.8625333	3.37E-06	0.00014386

«continuación»

PGSC0003DMG400040729	-4.60521852	1.99152868	69.7361689	3.40E-06	0.00014421
PGSC0003DMG400022170	5.57171532	1.80354661	69.6157675	3.43E-06	0.00014514
PGSC0003DMG400027672	2.07540117	9.15267952	69.4731123	3.47E-06	0.00014598
PGSC0003DMG400018434	2.50692049	6.7682734	69.358436	3.50E-06	0.00014624
PGSC0003DMG403017205	2.11204953	3.08288786	69.3258882	3.50E-06	0.00014626
PGSC0003DMG400003696	2.00905924	7.45960216	69.2648367	3.52E-06	0.00014659
PGSC0003DMG400026139	-4.65093126	3.32821263	69.1614058	3.55E-06	0.00014705
PGSC0003DMG400032814	-3.99593566	0.4154875	68.9770451	3.59E-06	0.00014837
PGSC0003DMG400000327	2.20324117	6.28226961	68.9071998	3.61E-06	0.0001488
PGSC0003DMG400017189	2.00642852	4.13933644	68.8664635	3.62E-06	0.00014892
PGSC0003DMG400029700	5.07812263	1.34084579	68.7102663	3.66E-06	0.00015004
PGSC0003DMG400023288	-2.58857002	3.65362534	68.6897475	3.67E-06	0.00015004
PGSC0003DMG400011724	-9.77455319	-0.04568262	147.415435	3.73E-06	0.00015149
PGSC0003DMG400019100	2.91052424	6.01700352	68.4543413	3.73E-06	0.00015149
PGSC0003DMG400019211	2.2121162	3.4729907	68.2886955	3.78E-06	0.00015268
PGSC0003DMG400023193	-8.15462419	2.30593451	68.0446815	3.84E-06	0.00015388
PGSC0003DMG400007666	-9.59622939	0.34260646	146.179418	3.84E-06	0.00015388
PGSC0003DMG400032149	2.81211475	4.59292757	68.0214818	3.85E-06	0.00015388
PGSC0003DMG400008098	-7.14645857	2.96065932	68.0189758	3.85E-06	0.00015388
PGSC0003DMG400020818	2.29460381	5.65076014	67.9178135	3.88E-06	0.00015428
PGSC0003DMG400004493	2.44152895	2.60115004	67.7146141	3.94E-06	0.00015595
PGSC0003DMG400018822	6.86381501	0.10664684	90.3270825	3.97E-06	0.00015644
PGSC0003DMG400021144	2.39250146	10.4924983	67.587981	3.97E-06	0.00015644
PGSC0003DMG400012591	2.89937437	7.95777708	67.3275195	4.05E-06	0.00015913
PGSC0003DMG400002091	2.72116685	1.50359372	67.2780518	4.06E-06	0.00015939
PGSC0003DMG402001341	2.35145775	3.68569299	67.0358867	4.14E-06	0.00016192
PGSC0003DMG401013613	8.94023856	-0.46425859	89.258055	4.18E-06	0.00016245
PGSC0003DMG400031267	-9.45600579	0.00931055	141.914807	4.27E-06	0.00016465
PGSC0003DMG400006632	9.45062973	-0.18424903	141.5031	4.31E-06	0.00016544
PGSC0003DMG402017241	6.52345385	1.63550571	66.3298251	4.36E-06	0.00016658
PGSC0003DMG400006652	-3.5461374	-0.10807686	66.2051833	4.40E-06	0.0001678
PGSC0003DMG400016045	9.85172744	0.53628788	140.349371	4.44E-06	0.00016864
PGSC0003DMG400022069	-9.39983426	0.12262027	140.045323	4.47E-06	0.00016961
PGSC0003DMG401032256	5.27597292	0.29476199	65.7098009	4.57E-06	0.00017243
PGSC0003DMG400027259	5.20147116	2.7172487	65.5419669	4.62E-06	0.0001736
PGSC0003DMG400012398	-3.17195946	1.5800211	65.3481921	4.69E-06	0.00017428
PGSC0003DMG400021690	2.80148227	2.08999898	65.2988125	4.71E-06	0.00017428
PGSC0003DMG400031522	7.62796033	0.59164836	65.29122	4.71E-06	0.00017428
PGSC0003DMG400031019	-2.71858914	3.51325153	65.2819696	4.71E-06	0.00017428
PGSC0003DMG400031521	2.86427021	2.418925	65.212188	4.74E-06	0.00017428
PGSC0003DMG400027530	-10.0075807	1.7308144	137.648833	4.75E-06	0.00017428
PGSC0003DMG400026409	3.41281197	11.9818424	65.1467963	4.76E-06	0.00017428
PGSC0003DMG400015685	2.55605501	3.16606331	65.1111345	4.78E-06	0.00017428
PGSC0003DMG401025785	9.45705909	-0.11471228	137.286408	4.80E-06	0.00017481
PGSC0003DMG400008640	2.12976323	6.95644043	64.9684436	4.83E-06	0.00017551
PGSC0003DMG400017452	9.48746094	0.2131028	136.680375	4.87E-06	0.00017681
PGSC0003DMG400016372	9.42603949	0.69064079	85.9469862	4.91E-06	0.00017752

«continuación»

PGSC0003DMG400037923	9.43723691	0.01269972	136.330038	4.92E-06	0.00017752
PGSC0003DMG400024109	2.15971796	8.74688857	64.6342152	4.95E-06	0.00017835
PGSC0003DMG400018706	2.4338402	3.56844434	64.5503508	4.98E-06	0.00017916
PGSC0003DMG400002288	-3.60353934	1.73638063	64.413383	5.03E-06	0.00018037
PGSC0003DMG400024260	-3.42035808	2.65652829	64.3419594	5.06E-06	0.0001809
PGSC0003DMG400030910	3.95842985	1.37898625	64.289067	5.08E-06	0.00018108
PGSC0003DMG400008309	3.62482601	4.68851825	63.8825801	5.24E-06	0.00018564
PGSC0003DMG400028254	-9.49510843	0.09775638	84.5790885	5.26E-06	0.00018564
PGSC0003DMG400020505	2.62705758	9.63118568	63.8040984	5.28E-06	0.00018564
PGSC0003DMG400029800	2.00035376	4.95848684	63.7414943	5.30E-06	0.00018564
PGSC0003DMG400005577	-2.43269355	2.12723971	63.6919475	5.32E-06	0.00018582
PGSC0003DMG400030483	-5.51667938	3.08653352	63.654786	5.34E-06	0.00018602
PGSC0003DMG400018919	2.43574227	3.93481778	63.6314437	5.35E-06	0.00018602
PGSC0003DMG400023949	-3.51151342	3.85025026	63.5298072	5.39E-06	0.00018685
PGSC0003DMG400017747	2.12459315	2.80806737	63.4886832	5.40E-06	0.00018685
PGSC0003DMG400015641	2.06061156	7.9787639	63.3711185	5.45E-06	0.00018811
PGSC0003DMG400014736	-3.68792613	2.97361507	63.2021339	5.53E-06	0.00018991
PGSC0003DMG402000198	2.29033671	2.75852468	63.1309942	5.56E-06	0.00019062
PGSC0003DMG400021073	-2.19686984	3.4894896	63.1044785	5.57E-06	0.00019068
PGSC0003DMG400042768	2.00520756	4.1574052	62.9318569	5.64E-06	0.00019291
PGSC0003DMG401023672	3.10759395	3.12515222	62.7252107	5.73E-06	0.00019501
PGSC0003DMG400019558	-10.0215167	0.71850556	129.842784	5.84E-06	0.00019799
PGSC0003DMG400002296	-3.97260359	0.78067684	62.220939	5.97E-06	0.00020093
PGSC0003DMG400016904	6.89055841	0.1679665	82.1010001	5.97E-06	0.00020093
PGSC0003DMG400029632	-2.32286276	5.24299224	62.1296982	6.01E-06	0.0002015
PGSC0003DMG400030925	-6.39459788	2.16088623	61.9795499	6.08E-06	0.00020338
PGSC0003DMG400012666	2.93478849	10.8798578	61.9676636	6.09E-06	0.00020338
PGSC0003DMG400010065	2.1679912	5.86210512	61.9301898	6.10E-06	0.00020364
PGSC0003DMG400029591	2.05595247	5.06510338	61.9052805	6.12E-06	0.00020369
PGSC0003DMG400030140	-10.1979055	0.7610926	81.0920843	6.29E-06	0.00020721
PGSC0003DMG400029754	-4.11237324	5.11857207	61.5010974	6.31E-06	0.00020721
PGSC0003DMG400025972	3.3182103	4.72660691	61.4566858	6.34E-06	0.00020721
PGSC0003DMG400005098	8.91025025	-0.45210169	126.830345	6.35E-06	0.00020721
PGSC0003DMG400019508	3.08726778	10.3877141	61.4280363	6.35E-06	0.00020721
PGSC0003DMG400029852	-3.13046685	2.14853541	61.3833605	6.37E-06	0.00020721
PGSC0003DMG400017509	2.03073068	4.80916344	61.3763057	6.38E-06	0.00020721
PGSC0003DMG400029362	3.08133719	1.86827195	61.3749837	6.38E-06	0.00020721
PGSC0003DMG400008299	5.15421057	4.19683492	61.3694145	6.38E-06	0.00020721
PGSC0003DMG400003743	-4.28745342	2.40453009	61.3360074	6.40E-06	0.00020721
PGSC0003DMG400005058	-4.06898538	2.89608094	61.3277823	6.40E-06	0.00020721
PGSC0003DMG400044149	-2.89757865	3.86601862	61.3209758	6.40E-06	0.00020721
PGSC0003DMG400020515	2.72269812	6.85179424	61.3054539	6.41E-06	0.00020721
PGSC0003DMG400002886	-10.6421439	0.84835823	126.22722	6.45E-06	0.00020771
PGSC0003DMG400012466	-2.1133797	4.69450977	61.1983664	6.47E-06	0.00020771
PGSC0003DMG400000721	2.58469477	3.10541517	61.198038	6.47E-06	0.00020771
PGSC0003DMG400017185	7.737089	-0.17081277	80.5118835	6.49E-06	0.00020794
PGSC0003DMG400003865	4.3157907	6.25560305	61.0073738	6.57E-06	0.00020967

«continuación»

PGSC0003DMG400021863	-2.04722212	3.89526828	60.7296397	6.71E-06	0.00021237
PGSC0003DMG400011355	-2.6449615	3.53891092	60.5342038	6.82E-06	0.00021373
PGSC0003DMG402007888	8.74210451	0.02143746	124.242783	6.82E-06	0.00021373
PGSC0003DMG400020719	2.85838206	4.93022866	60.420238	6.88E-06	0.00021466
PGSC0003DMG400004465	-9.25093127	-0.18885677	123.759035	6.92E-06	0.00021506
PGSC0003DMG400024452	7.20958976	0.48412073	60.3305496	6.93E-06	0.00021509
PGSC0003DMG400031278	-9.29315477	-0.19144121	123.02493	7.06E-06	0.00021845
PGSC0003DMG400029716	-2.80594302	1.86908729	59.9276325	7.16E-06	0.00022115
PGSC0003DMG400024182	2.83016089	11.7958015	59.4261846	7.46E-06	0.00022855
PGSC0003DMG400029745	-2.37540924	4.4161538	59.3468315	7.51E-06	0.00022967
PGSC0003DMG400018853	-2.29482344	4.63653505	59.1906133	7.61E-06	0.00023226
PGSC0003DMG400007547	2.11902926	2.3590038	59.1334081	7.64E-06	0.00023238
PGSC0003DMG400027433	3.02749034	2.94665401	59.0669514	7.68E-06	0.00023238
PGSC0003DMG402027133	-4.81999089	3.15778634	59.0609099	7.69E-06	0.00023238
PGSC0003DMG400007605	4.44284347	1.65913453	59.0130642	7.72E-06	0.00023238
PGSC0003DMG400028238	2.47356897	8.79022029	59.0104178	7.72E-06	0.00023238
PGSC0003DMG400010213	10.3007202	0.90899228	77.2782129	7.72E-06	0.00023238
PGSC0003DMG400017523	-2.06921942	4.86455936	59.000033	7.73E-06	0.00023238
PGSC0003DMG400016504	2.60837419	8.23345857	58.9731817	7.74E-06	0.00023238
PGSC0003DMG400014402	2.4384876	5.44114638	58.8575914	7.82E-06	0.00023302
PGSC0003DMG400019446	2.07900774	3.29041538	58.8424857	7.83E-06	0.00023302
PGSC0003DMG402031520	-3.29371275	3.22369012	58.8116377	7.85E-06	0.00023302
PGSC0003DMG402032256	9.57922322	0.45386245	119.259068	7.88E-06	0.00023363
PGSC0003DMG400033650	2.17314367	6.53249113	58.6453842	7.95E-06	0.00023552
PGSC0003DMG400004800	-4.08995568	4.61143731	58.5369144	8.03E-06	0.0002366
PGSC0003DMG400007755	-10.1450211	0.76833846	118.624662	8.03E-06	0.0002366
PGSC0003DMG400025418	-10.0806548	0.4828664	118.535885	8.05E-06	0.00023686
PGSC0003DMG400015125	-2.09543632	3.33706522	58.375031	8.13E-06	0.00023831
PGSC0003DMG400040013	-9.82120356	0.64534857	117.962833	8.19E-06	0.00023912
PGSC0003DMG400032516	9.37131309	0.00829626	76.1911733	8.20E-06	0.00023912
PGSC0003DMG400021068	-4.3708182	-0.36368823	58.2008397	8.25E-06	0.0002393
PGSC0003DMG400001567	-2.02647042	8.68981041	58.154165	8.29E-06	0.00023983
PGSC0003DMG400030971	2.51676114	5.55039015	57.970494	8.41E-06	0.00024174
PGSC0003DMG401000527	2.13544117	6.56819897	57.9699999	8.41E-06	0.00024174
PGSC0003DMG400005178	-8.38340351	0.58337347	57.7848795	8.54E-06	0.00024491
PGSC0003DMG400025481	-3.20762741	4.23791494	57.7608203	8.56E-06	0.00024491
PGSC0003DMG400004458	2.75790594	6.33277581	57.6948084	8.61E-06	0.00024591
PGSC0003DMG400016808	-2.02791774	3.8260257	57.5683073	8.70E-06	0.00024684
PGSC0003DMG400026892	-2.42805567	1.5700565	57.5664073	8.70E-06	0.00024684
PGSC0003DMG400015132	3.88778473	1.96071299	57.562172	8.71E-06	0.00024684
PGSC0003DMG402019255	-3.6136472	5.1770045	57.4709889	8.77E-06	0.00024766
PGSC0003DMG400001016	-4.57275587	1.94055742	57.422169	8.81E-06	0.00024832
PGSC0003DMG400030663	-2.91034585	5.88814258	57.3806363	8.84E-06	0.00024882
PGSC0003DMG400006296	9.45110213	-0.00731257	74.5034981	9.01E-06	0.00025176
PGSC0003DMG400014894	3.22557942	3.64724687	57.1155613	9.04E-06	0.00025176
PGSC0003DMG400035816	-3.3465261	1.17437611	57.0977897	9.05E-06	0.00025176
PGSC0003DMG400016529	-5.53891511	3.37048518	57.0516151	9.09E-06	0.00025181

«continuación»

PGSC0003DMG400032534	3.14834445	8.27469789	57.0250177	9.11E-06	0.00025202
PGSC0003DMG400008296	-2.61949288	4.78911426	57.0039318	9.12E-06	0.00025211
PGSC0003DMG401019771	5.93180209	0.39629739	56.8931448	9.21E-06	0.00025377
PGSC0003DMG400006905	-4.48745835	1.85695719	56.70835	9.36E-06	0.00025597
PGSC0003DMG400009887	2.01905678	5.5658035	56.6345042	9.41E-06	0.0002568
PGSC0003DMG400031515	11.4321676	3.55688838	73.6904293	9.44E-06	0.0002568
PGSC0003DMG400024134	10.4580087	1.12453914	113.230675	9.45E-06	0.0002568
PGSC0003DMG400017730	4.43690267	1.00552423	56.5877806	9.45E-06	0.0002568
PGSC0003DMG402028118	-9.81559837	0.53251881	113.114598	9.48E-06	0.00025695
PGSC0003DMG400008585	2.23714198	7.1182832	56.5381085	9.49E-06	0.00025695
PGSC0003DMG400004420	-9.70018351	0.37437607	113.067309	9.50E-06	0.00025695
PGSC0003DMG400027455	10.8133104	1.27861259	73.4693432	9.56E-06	0.00025831
PGSC0003DMG400018106	2.2535446	3.25747318	56.3882342	9.61E-06	0.0002584
PGSC0003DMG400033348	6.43968093	1.22839374	56.248323	9.73E-06	0.0002607
PGSC0003DMG400022249	2.072827	10.0213845	56.1541818	9.81E-06	0.00026209
PGSC0003DMG400003028	-2.83399095	1.31959755	56.029469	9.91E-06	0.00026418
PGSC0003DMG400001203	4.01185455	1.09149718	55.9424182	9.99E-06	0.00026515
ENSRNA049458286	-10.6208897	0.67714193	111.353011	1.00E-05	0.00026515
PGSC0003DMG400027233	-2.82588362	1.51407073	55.8903116	1.00E-05	0.00026518
PGSC0003DMG400029938	2.02638173	11.8093471	55.8306643	1.01E-05	0.00026546
PGSC0003DMG400034105	-2.13256868	2.26419568	55.7404395	1.02E-05	0.0002668
PGSC0003DMG400012590	3.061564	8.89460084	55.7238892	1.02E-05	0.0002668
PGSC0003DMG400010718	3.49739048	2.78978905	55.6994625	1.02E-05	0.0002668
PGSC0003DMG400013548	-11.0279225	1.21719332	71.8589222	1.05E-05	0.00027103
PGSC0003DMG400001934	2.95154709	6.10394819	55.3187745	1.05E-05	0.00027103
PGSC0003DMG400029746	-2.69069851	4.88385341	55.3145741	1.05E-05	0.00027103
PGSC0003DMG400007621	4.33009092	5.61791761	55.3107441	1.05E-05	0.00027103
PGSC0003DMG400014646	-2.62993375	4.91402405	55.2966936	1.06E-05	0.00027103
PGSC0003DMG402016989	-5.44202219	1.44467616	55.198883	1.07E-05	0.00027299
PGSC0003DMG401031172	-4.12653516	5.38168773	55.1144768	1.07E-05	0.0002742
PGSC0003DMG400001406	2.92622093	2.2791463	55.1024805	1.07E-05	0.0002742
PGSC0003DMG400024259	-3.15565693	1.79562282	55.0128344	1.08E-05	0.00027516
PGSC0003DMG400029408	-2.76871735	12.4398473	54.7776166	1.11E-05	0.00027843
PGSC0003DMG400016749	-8.90753878	5.09445786	70.8708189	1.11E-05	0.00027901
PGSC0003DMG400018129	-4.48618567	2.65056814	54.6947724	1.11E-05	0.00027901
PGSC0003DMG400031548	-4.77443075	2.66229779	54.6689561	1.12E-05	0.00027928
PGSC0003DMG400008035	-5.54405051	0.6752423	54.607575	1.12E-05	0.00028007
PGSC0003DMG400031156	2.14633551	2.19661085	54.5206371	1.13E-05	0.00028132
PGSC0003DMG400028751	-3.04314404	1.25504064	54.3269402	1.15E-05	0.00028459
PGSC0003DMG400011134	3.26133379	1.90923087	54.3236752	1.15E-05	0.00028459
PGSC0003DMG400015355	-3.05160386	1.37068768	54.2678838	1.16E-05	0.00028563
PGSC0003DMG400025628	5.23770688	2.63367677	54.2295075	1.16E-05	0.00028623
PGSC0003DMG400014094	-4.19489847	2.0561567	54.1718584	1.17E-05	0.00028733
PGSC0003DMG400003369	-2.06052577	5.48258251	54.1160594	1.17E-05	0.0002883
PGSC0003DMG400024586	3.03940843	1.76038485	54.0875281	1.17E-05	0.0002883
PGSC0003DMG400010984	8.82920319	-0.76859576	106.318154	1.18E-05	0.0002883
PGSC0003DMG400031729	2.07070967	3.21287601	54.0482227	1.18E-05	0.0002883

«continuación»

PGSC0003DMG400025885	2.35116929	3.24579821	54.0241382	1.18E-05	0.0002883
PGSC0003DMG400004015	-3.2242992	0.77871086	54.0195627	1.18E-05	0.0002883
PGSC0003DMG400015190	-3.24355721	5.22440927	53.9985322	1.18E-05	0.00028848
PGSC0003DMG403029613	-9.38257566	0.22880972	105.969648	1.19E-05	0.00028881
PGSC0003DMG400015727	-9.39535692	0.05825916	105.94355	1.19E-05	0.00028881
PGSC0003DMG400024364	-8.93175535	-0.09373458	105.531181	1.21E-05	0.00029201
PGSC0003DMG400021867	7.45682672	0.88646908	53.748939	1.21E-05	0.00029201
PGSC0003DMG400010923	-3.5113621	2.29329263	53.724677	1.21E-05	0.00029228
PGSC0003DMG400003811	7.15172857	0.27957885	69.3901147	1.22E-05	0.00029247
PGSC0003DMG400013556	-2.58216054	2.96781074	53.5899818	1.23E-05	0.00029398
PGSC0003DMG400001598	-2.76431466	8.97906015	53.5355708	1.23E-05	0.00029468
PGSC0003DMG400037309	8.73245944	-0.44325255	104.699472	1.24E-05	0.00029634
PGSC0003DMG400027929	3.18807326	0.23643375	53.3190892	1.26E-05	0.00029813
PGSC0003DMG400015607	2.47335718	3.9671927	53.1886054	1.27E-05	0.00030065
PGSC0003DMG400027945	-2.11066577	4.68925182	53.1388244	1.28E-05	0.00030093
PGSC0003DMG402014864	10.3347763	0.25374637	68.5476947	1.28E-05	0.00030093
PGSC0003DMG400003058	-6.91125491	4.68862544	53.0538391	1.29E-05	0.0003021
PGSC0003DMG400025443	-5.78118605	-0.6830559	52.9628206	1.30E-05	0.00030422
PGSC0003DMG400006455	-3.60499563	2.38552379	52.8441393	1.31E-05	0.00030675
PGSC0003DMG400007876	-3.7398776	3.27506077	52.7955352	1.32E-05	0.00030713
PGSC0003DMG400037627	6.21406667	-0.04220135	52.7889043	1.32E-05	0.00030713
PGSC0003DMG400013346	-2.55812931	1.59529597	52.7772569	1.32E-05	0.00030713
PGSC0003DMG400025144	2.27185793	3.18089271	52.7028149	1.33E-05	0.00030846
PGSC0003DMG400024128	2.17773672	1.87638351	52.6625786	1.33E-05	0.00030892
PGSC0003DMG400022414	2.40698018	3.4129106	52.605666	1.34E-05	0.00031007
PGSC0003DMG400030149	-6.31686205	3.56708649	52.5186501	1.35E-05	0.00031068
PGSC0003DMG400001172	8.49245322	-0.63810057	102.070354	1.36E-05	0.00031068
PGSC0003DMG400031032	-9.85255246	0.7754444	102.064048	1.36E-05	0.00031068
PGSC0003DMG400026063	-10.0986483	0.95914719	101.878848	1.37E-05	0.00031228
PGSC0003DMG400013417	2.89873884	3.67656561	52.3809035	1.37E-05	0.00031237
PGSC0003DMG400020899	-2.24166832	3.31985549	52.2750901	1.38E-05	0.00031392
PGSC0003DMG400026872	3.5722367	2.31597981	52.256993	1.38E-05	0.000314
PGSC0003DMG401004946	-2.63072413	3.21871109	52.1524775	1.40E-05	0.00031597
PGSC0003DMG400008292	-2.28579992	1.18327482	52.1315311	1.40E-05	0.00031607
PGSC0003DMG401022197	-2.6724441	5.59902616	52.1232493	1.40E-05	0.00031607
PGSC0003DMG400019266	2.01768172	7.64695337	51.8928249	1.43E-05	0.00032094
PGSC0003DMG400032157	-2.00237175	3.29325171	51.7839396	1.44E-05	0.00032267
PGSC0003DMG400022083	3.84419224	1.99872248	51.6426913	1.46E-05	0.00032576
PGSC0003DMG400031110	2.70152296	5.04120833	51.598753	1.47E-05	0.00032662
PGSC0003DMG400004158	4.61645766	3.9600263	51.5891265	1.47E-05	0.00032662
PGSC0003DMG400031771	-3.63502786	4.0109618	51.4377508	1.49E-05	0.00032895
PGSC0003DMG400047102	9.29177757	0.08852779	98.9630225	1.51E-05	0.0003318
PGSC0003DMG400031216	-3.21250699	1.57184682	51.2952136	1.51E-05	0.0003318
PGSC0003DMG400026864	4.40452566	0.5836975	51.0976817	1.54E-05	0.00033603
PGSC0003DMG400012977	-3.79076924	3.98375993	50.9430718	1.56E-05	0.00033947
PGSC0003DMG400022820	7.66529094	0.62760603	50.9195726	1.56E-05	0.00033947
PGSC0003DMG400004690	-9.71609404	0.6280612	65.2954222	1.57E-05	0.00033947

«continuación»

PGSC0003DMG400004575	-12.0860417	2.68265877	65.2887582	1.57E-05	0.00033947
PGSC0003DMG400001269	-3.78142675	1.15889857	50.8799505	1.57E-05	0.00033947
PGSC0003DMG400008298	4.2659443	7.44758401	50.8585663	1.57E-05	0.00033976
PGSC0003DMG400010320	-2.36834201	1.65678823	50.7026626	1.60E-05	0.000343
PGSC0003DMG400017034	3.94915869	0.66478028	50.6975007	1.60E-05	0.000343
PGSC0003DMG400021397	-10.0979563	1.05526943	97.3573041	1.60E-05	0.00034305
PGSC0003DMG400025333	2.25505941	2.44593693	50.6369833	1.61E-05	0.00034418
PGSC0003DMG400017737	-2.21118911	5.20966597	50.5973061	1.61E-05	0.00034453
PGSC0003DMG400012225	2.0994129	6.99799158	50.4877853	1.63E-05	0.00034711
PGSC0003DMG400019773	8.12723383	2.20812044	64.3634407	1.66E-05	0.00035213
PGSC0003DMG400010186	8.95528752	-0.70177298	96.1154645	1.67E-05	0.00035321
PGSC0003DMG400002026	-3.01942144	3.62605787	50.1166186	1.69E-05	0.00035437
PGSC0003DMG400021956	8.57318515	-0.37315286	95.8384638	1.69E-05	0.00035437
PGSC0003DMG400028479	2.42796151	2.31164334	50.0939759	1.69E-05	0.00035437
PGSC0003DMG400012074	8.80909529	-0.40375662	95.7657128	1.69E-05	0.00035462
PGSC0003DMG400012405	2.02345711	7.40965293	50.0124483	1.70E-05	0.00035596
PGSC0003DMG400029583	2.29614644	3.02448774	49.9682099	1.71E-05	0.00035707
PGSC0003DMG400029128	4.21043975	1.81400688	49.7251563	1.75E-05	0.00036304
PGSC0003DMG400017508	-2.22906917	6.48451069	49.7009394	1.75E-05	0.0003631
PGSC0003DMG400025346	4.26543452	2.13730942	49.6591742	1.76E-05	0.00036415
PGSC0003DMG400000951	-2.09334425	5.92148992	49.5407127	1.78E-05	0.00036633
PGSC0003DMG400002561	-2.43352984	1.42450565	49.4357481	1.80E-05	0.00036896
PGSC0003DMG400029801	6.17239465	0.04911275	49.4213411	1.80E-05	0.00036896
PGSC0003DMG400009992	2.01837833	9.03589128	49.3187765	1.82E-05	0.00037155
PGSC0003DMG401024691	5.08396134	1.48103495	49.2917636	1.82E-05	0.00037198
PGSC0003DMG400026312	-2.81310193	2.46435742	49.2602851	1.83E-05	0.00037271
PGSC0003DMG400023461	2.33754304	7.68159406	49.1454963	1.85E-05	0.00037536
PGSC0003DMG400013415	2.96831847	5.05848895	49.1427123	1.85E-05	0.00037536
PGSC0003DMG402016602	8.20515592	1.01623867	92.8239856	1.89E-05	0.00037927
PGSC0003DMG400020153	2.58526987	1.5654215	48.9373817	1.89E-05	0.00037927
PGSC0003DMG401022752	3.93189455	3.03513595	48.9192677	1.89E-05	0.00037954
PGSC0003DMG400005219	-3.15358314	2.77354548	48.8895501	1.90E-05	0.00037995
PGSC0003DMG400036825	-7.18898581	-0.37158532	62.3608796	1.90E-05	0.00037995
PGSC0003DMG402028141	3.87844362	1.92611216	48.8376047	1.91E-05	0.00038096
PGSC0003DMG400026934	4.78186554	2.09865214	48.7733347	1.92E-05	0.00038254
PGSC0003DMG400018811	2.20452581	6.3359566	48.7266954	1.93E-05	0.00038387
PGSC0003DMG400013225	-9.40054383	0.02586669	92.1509316	1.93E-05	0.00038484
PGSC0003DMG400008000	-4.27809044	3.85293837	48.5135721	1.97E-05	0.00039026
PGSC0003DMG400021776	-5.05192345	2.76308416	48.2935197	2.01E-05	0.00039665
PGSC0003DMG401013738	-9.30524558	0.01591353	90.9855343	2.02E-05	0.00039888
PGSC0003DMG401028834	-4.59972503	1.19276858	48.1831047	2.03E-05	0.00040012
PGSC0003DMG400003626	3.6431591	5.03852559	48.1250591	2.04E-05	0.00040185
PGSC0003DMG400017662	2.81963932	2.62947762	48.0207879	2.06E-05	0.00040385
PGSC0003DMG400008878	-2.82631232	4.52700799	47.9537293	2.08E-05	0.00040588
PGSC0003DMG400040086	-8.61393448	-0.73504707	90.1109751	2.09E-05	0.00040826
PGSC0003DMG400004948	-5.81075598	-0.44360251	47.8530457	2.10E-05	0.00040908
PGSC0003DMG400025686	-3.22245981	2.04542989	47.7833462	2.11E-05	0.00041106

«continuación»

PGSC0003DMG400004730	8.86391684	-0.23310312	89.8161918	2.11E-05	0.00041126
PGSC0003DMG400007389	-2.33493134	3.18142393	47.7376247	2.12E-05	0.00041194
PGSC0003DMG402013731	-8.7860402	-0.93035456	60.6899309	2.12E-05	0.00041194
PGSC0003DMG400012298	3.36094167	1.69805021	47.7127839	2.13E-05	0.00041201
PGSC0003DMG400016162	2.03161298	5.4526699	47.6751488	2.13E-05	0.00041255
PGSC0003DMG400016931	2.11792089	2.14483651	47.6469253	2.14E-05	0.00041262
PGSC0003DMG400019146	10.9739509	0.81641617	60.5635313	2.14E-05	0.00041262
PGSC0003DMG400031541	-9.03469202	-0.04273213	89.4237422	2.15E-05	0.00041338
PGSC0003DMG400002386	2.15643186	5.23017125	47.5280157	2.16E-05	0.00041642
PGSC0003DMG400038727	-9.66803953	0.05586334	60.2366901	2.19E-05	0.00041985
PGSC0003DMG400002927	3.92184217	0.83801699	47.3584341	2.20E-05	0.00042143
PGSC0003DMG400030734	3.02393155	1.66289551	47.3436657	2.20E-05	0.00042164
PGSC0003DMG400008804	3.24002252	7.80072215	47.2504075	2.22E-05	0.00042459
PGSC0003DMG400021651	-4.65403908	1.61377214	47.2386246	2.23E-05	0.00042459
PGSC0003DMG400002213	6.77756062	1.03597046	59.9423517	2.23E-05	0.00042459
PGSC0003DMG400013132	2.16182137	3.79765333	47.1608152	2.24E-05	0.0004257
PGSC0003DMG400009822	2.7382813	4.46215324	47.1113705	2.26E-05	0.00042724
PGSC0003DMG400033160	-2.64846375	1.6433679	47.0241549	2.28E-05	0.0004286
PGSC0003DMG400030890	-2.15555563	6.08984163	47.0030328	2.28E-05	0.0004286
PGSC0003DMG400021481	7.25994398	-0.26163667	47.001211	2.28E-05	0.0004286
PGSC0003DMG400024287	-8.70711275	-0.33957901	87.7793161	2.29E-05	0.00042961
PGSC0003DMG402001531	-3.44998364	3.47446692	46.9302344	2.30E-05	0.00043039
PGSC0003DMG400034588	8.37431499	-0.87596398	87.4960798	2.31E-05	0.00043236
PGSC0003DMG400030546	-2.73044865	3.32062866	46.774265	2.33E-05	0.00043504
PGSC0003DMG400012224	2.0028816	6.1866503	46.71892	2.35E-05	0.0004366
PGSC0003DMG400015307	6.76719562	-0.27927833	46.6650129	2.36E-05	0.00043854
PGSC0003DMG400014644	-9.98395554	0.75979549	86.7796425	2.38E-05	0.0004408
PGSC0003DMG400018000	8.26972859	-0.39635524	86.7653125	2.38E-05	0.0004408
PGSC0003DMG400017779	2.9946254	1.71478325	46.5144057	2.39E-05	0.00044115
PGSC0003DMG401007028	2.05204864	4.14843001	46.5033945	2.40E-05	0.00044115
PGSC0003DMG400018651	-2.80488862	7.3469733	46.4888482	2.40E-05	0.00044115
PGSC0003DMG400013518	-5.13795268	-0.77674874	46.4870168	2.40E-05	0.00044115
PGSC0003DMG400010172	10.47938	0.69650177	86.5246834	2.40E-05	0.00044115
PGSC0003DMG400028451	-4.26152915	-0.72363867	46.4564861	2.41E-05	0.00044115
PGSC0003DMG400018631	9.22301577	-0.03518151	86.414379	2.42E-05	0.00044194
PGSC0003DMG400010585	-2.78590579	3.18217383	46.3907706	2.42E-05	0.00044196
PGSC0003DMG400008659	2.0123786	4.31058296	46.3891724	2.42E-05	0.00044196
PGSC0003DMG400011895	3.98060325	-0.066794	46.2623796	2.46E-05	0.00044679
PGSC0003DMG400026434	-3.2796517	0.49621105	46.0130155	2.52E-05	0.00045554
PGSC0003DMG402023052	-3.49529633	1.2825954	46.0054276	2.52E-05	0.00045554
PGSC0003DMG400016023	8.59241678	-0.44949948	85.3027908	2.53E-05	0.00045564
PGSC0003DMG400020376	-3.46996541	1.87614062	45.9054697	2.55E-05	0.00045847
PGSC0003DMG400017728	-2.49152759	1.67087633	45.7733684	2.58E-05	0.00046209
PGSC0003DMG400011033	-2.26047269	5.10469066	45.6381627	2.62E-05	0.00046676
PGSC0003DMG401030580	-5.00197669	0.91340063	45.5758055	2.63E-05	0.00046889
PGSC0003DMG400016814	-2.21613285	4.1228084	45.5560375	2.64E-05	0.00046889
PGSC0003DMG400019243	3.94556866	1.53633777	45.5348261	2.64E-05	0.00046889

«continuación»

PGSC0003DMG400022674	3.22643668	4.86111212	45.5335011	2.64E-05	0.00046889
PGSC0003DMG400010353	2.23618377	3.44029342	45.5329865	2.64E-05	0.00046889
PGSC0003DMG400030535	-2.84760901	2.72003928	45.5306866	2.64E-05	0.00046889
PGSC0003DMG400028965	-9.8394378	0.00067472	57.4946941	2.65E-05	0.00046931
PGSC0003DMG400013460	3.39855171	10.0761214	45.5040488	2.65E-05	0.00046931
PGSC0003DMG401018257	-8.00225868	0.79514461	83.1248041	2.76E-05	0.0004833
PGSC0003DMG400013091	2.25950204	3.21174204	45.0304625	2.78E-05	0.00048484
PGSC0003DMG400029315	-3.12708976	6.90307272	44.9943574	2.79E-05	0.00048565
PGSC0003DMG400000871	-6.00721981	0.34984825	44.9408634	2.81E-05	0.00048746
PGSC0003DMG400032155	3.23144522	9.71771559	44.9244701	2.81E-05	0.00048785
PGSC0003DMG400000941	9.89227796	0.30769442	81.7685216	2.92E-05	0.00050109
PGSC0003DMG400027441	-2.37190342	1.00250581	44.5626804	2.92E-05	0.00050109
PGSC0003DMG402005074	2.73717481	1.81596223	44.5472968	2.93E-05	0.00050145
PGSC0003DMG400013399	-2.75479618	5.87786145	44.5164987	2.94E-05	0.00050262
PGSC0003DMG400030633	-2.25194888	8.21305314	44.4820896	2.95E-05	0.00050397
PGSC0003DMG400015126	-2.32283743	1.99918402	44.4569516	2.95E-05	0.00050485
PGSC0003DMG400015123	-9.48288979	0.40056929	81.3447835	2.97E-05	0.00050683
PGSC0003DMG400024531	2.20050697	5.96037803	44.3580407	2.98E-05	0.00050829
PGSC0003DMG400027705	2.6682337	4.19853973	44.1085101	3.06E-05	0.00051943
PGSC0003DMG400042128	8.17521425	-0.70572325	80.5393505	3.08E-05	0.00052001
PGSC0003DMG402010623	2.21690047	3.52088386	44.0679833	3.08E-05	0.00052001
PGSC0003DMG400002740	5.31094919	0.80494725	44.0551688	3.08E-05	0.00052007
PGSC0003DMG400025772	-2.84245012	2.98175422	44.0298403	3.09E-05	0.0005207
PGSC0003DMG400009529	-5.32151532	2.58850967	43.9969478	3.10E-05	0.00052144
PGSC0003DMG400007521	-2.62747902	5.98815457	43.8382096	3.15E-05	0.00052702
PGSC0003DMG400004251	2.18173628	3.10224717	43.7961412	3.16E-05	0.00052792
PGSC0003DMG400020829	-5.72860472	3.56143906	43.7811898	3.17E-05	0.00052792
PGSC0003DMG400015793	3.09194718	1.51841749	43.7313933	3.19E-05	0.0005283
PGSC0003DMG400004564	3.42603459	0.61498194	43.7312884	3.19E-05	0.0005283
PGSC0003DMG402028595	-2.98639919	0.78440482	43.6900709	3.20E-05	0.00052941
PGSC0003DMG400025593	-8.52254043	-0.75399464	79.4756553	3.22E-05	0.00053103
PGSC0003DMG400009837	-2.56340339	3.3446905	43.5974956	3.23E-05	0.00053205
PGSC0003DMG400014865	10.3789545	0.21827349	79.238591	3.25E-05	0.00053467
PGSC0003DMG400005884	4.04667333	3.98728535	43.5164343	3.26E-05	0.00053555
PGSC0003DMG400015693	-3.09795612	2.02024037	43.4893658	3.27E-05	0.00053626
PGSC0003DMG400024286	4.50998135	0.39295935	43.4383369	3.29E-05	0.00053818
PGSC0003DMG400008822	-2.47998671	3.5805646	43.1068684	3.40E-05	0.0005519
PGSC0003DMG401015876	2.04202363	3.81513122	43.0887193	3.41E-05	0.00055205
PGSC0003DMG400000392	7.08875598	-0.66169562	42.8303551	3.51E-05	0.00056144
PGSC0003DMG400017419	2.4051209	1.55231591	42.8019736	3.52E-05	0.00056199
PGSC0003DMG400017338	2.40551578	0.31249034	42.741862	3.54E-05	0.00056334
PGSC0003DMG400033113	-4.72736465	0.65767709	42.7376086	3.54E-05	0.00056334
PGSC0003DMG400005961	2.58210779	1.25755075	42.578602	3.60E-05	0.00057128
PGSC0003DMG400007639	5.61307626	3.48160958	42.5542888	3.61E-05	0.00057176
PGSC0003DMG401022737	-2.17770717	5.45067854	42.3938702	3.68E-05	0.00057751
PGSC0003DMG400007271	2.63430243	1.54022383	42.2939988	3.72E-05	0.00058097
PGSC0003DMG401026585	-8.86985336	-0.16426383	76.1241433	3.73E-05	0.00058212

«continuación»

PGSC0003DMG400025821	2.80045571	2.55331649	42.1574333	3.77E-05	0.00058634
PGSC0003DMG400013516	4.99748089	3.88271307	42.0347906	3.82E-05	0.00059234
PGSC0003DMG400017119	2.55045531	5.63318066	42.0343172	3.82E-05	0.00059234
PGSC0003DMG400000771	-2.56505136	1.76925414	41.9937098	3.84E-05	0.00059355
PGSC0003DMG400014767	-2.58986055	4.18016173	41.9507852	3.86E-05	0.00059585
PGSC0003DMG400012492	-3.42362315	1.3962255	41.9211172	3.87E-05	0.00059683
PGSC0003DMG400020791	9.44133805	0.15976754	75.2866105	3.87E-05	0.00059683
PGSC0003DMG402013738	-8.73402861	-0.32781136	75.2085561	3.89E-05	0.00059711
PGSC0003DMG400027968	2.46490964	3.0583642	41.8694947	3.89E-05	0.00059737
PGSC0003DMG400004671	-4.88675691	0.72833336	41.8579408	3.90E-05	0.00059765
PGSC0003DMG400018713	3.28556081	1.31378861	41.8212674	3.91E-05	0.0005991
PGSC0003DMG400025192	-2.84439842	4.18276075	41.729557	3.95E-05	0.00060334
PGSC0003DMG402012500	3.25733097	0.55374719	41.7272818	3.95E-05	0.00060334
PGSC0003DMG400013781	8.42784944	-0.81753331	74.8007354	3.96E-05	0.00060344
PGSC0003DMG400013090	2.84457503	2.97304805	41.6665697	3.98E-05	0.00060599
PGSC0003DMG400008245	7.29185624	-0.09267676	51.8185667	4.05E-05	0.00061547
PGSC0003DMG400025076	-2.50396608	1.84018243	41.496889	4.05E-05	0.00061593
PGSC0003DMG400008300	2.44580663	4.86541796	41.4766287	4.06E-05	0.00061683
PGSC0003DMG400019872	2.03940894	5.29919958	41.4593446	4.07E-05	0.00061714
PGSC0003DMG400031014	3.04094178	6.67482183	41.4519671	4.07E-05	0.00061714
PGSC0003DMG400014405	-3.12195981	6.98456722	41.4353598	4.08E-05	0.00061714
PGSC0003DMG402011377	-2.60600449	5.48519074	41.4296458	4.08E-05	0.00061714
PGSC0003DMG400032289	5.86895509	2.95391107	41.4295519	4.08E-05	0.00061714
PGSC0003DMG400005697	4.78455887	1.08652271	41.4190326	4.09E-05	0.00061737
PGSC0003DMG400016050	3.19417508	1.05724387	51.6515959	4.10E-05	0.00061871
PGSC0003DMG400012550	-2.11353842	5.22746612	41.2651644	4.16E-05	0.00062588
PGSC0003DMG400010471	-3.05057619	3.63026968	41.2597864	4.16E-05	0.00062588
PGSC0003DMG400000402	4.15217993	4.78964729	41.167939	4.20E-05	0.00063019
PGSC0003DMG400026220	-5.16110229	5.20029658	41.1667169	4.20E-05	0.00063019
PGSC0003DMG400013774	9.06453544	0.0748091	51.3226373	4.21E-05	0.00063019
PGSC0003DMG400004737	-4.12771998	3.73064383	41.1558637	4.21E-05	0.00063019
PGSC0003DMG400012665	-2.26717059	3.72190185	41.1402103	4.22E-05	0.0006308
PGSC0003DMG400017556	2.45336263	10.201195	41.0897609	4.24E-05	0.00063318
PGSC0003DMG400031092	2.66223942	1.83519073	41.0770914	4.25E-05	0.00063318
PGSC0003DMG400006394	2.50085014	4.53249919	40.9821917	4.29E-05	0.00063851
PGSC0003DMG400008101	-8.15171344	3.18180154	50.9902132	4.32E-05	0.0006418
PGSC0003DMG400029194	-4.55665929	0.12100528	40.8242484	4.37E-05	0.00064784
PGSC0003DMG400028837	-8.42278818	-0.87105736	72.534472	4.39E-05	0.00064948
PGSC0003DMG400011603	2.88794448	7.33889847	40.7047728	4.42E-05	0.00065255
PGSC0003DMG400023445	-3.77624948	3.39786608	40.6592345	4.45E-05	0.0006548
PGSC0003DMG400013018	2.32921861	2.83143395	40.6302702	4.46E-05	0.0006548
PGSC0003DMG400007880	-2.26484274	5.33883187	40.5683194	4.49E-05	0.00065498
PGSC0003DMG400016451	-2.39417866	3.68008817	40.5289101	4.51E-05	0.00065684
PGSC0003DMG400021814	4.58214253	3.06828619	40.5126305	4.52E-05	0.00065684
PGSC0003DMG400013573	3.4543606	0.55787931	40.4394217	4.56E-05	0.00066022
PGSC0003DMG400018991	3.84012595	1.14577321	40.4209293	4.57E-05	0.0006606
PGSC0003DMG400011672	-3.63808346	0.90031455	40.4003125	4.58E-05	0.00066115

«continuación»

PGSC0003DMG400014770	-2.03074462	4.56472263	40.3786225	4.59E-05	0.00066178
PGSC0003DMG400024478	-2.96695949	3.47347356	40.332622	4.61E-05	0.00066423
PGSC0003DMG400022887	2.00499854	4.57363061	40.3191773	4.62E-05	0.00066474
PGSC0003DMG400000794	-2.7349445	4.05063287	40.1471103	4.71E-05	0.00067409
PGSC0003DMG400018916	-5.75132799	5.46118615	40.1429167	4.71E-05	0.00067409
PGSC0003DMG400021880	8.47253959	-0.49742101	70.8912058	4.75E-05	0.00067652
PGSC0003DMG400031108	-8.97072833	-0.38420212	70.8623529	4.76E-05	0.00067652
PGSC0003DMG402009485	3.0322472	0.82988306	40.0591523	4.76E-05	0.00067652
PGSC0003DMG400011445	5.97095615	-0.71633468	49.6406483	4.81E-05	0.00068215
PGSC0003DMG400012655	-4.15669912	3.13993264	39.7752749	4.91E-05	0.00069588
PGSC0003DMG400002908	-3.29482495	0.59687297	39.7649803	4.92E-05	0.00069592
PGSC0003DMG400025638	9.54526456	0.02806546	70.0364118	4.95E-05	0.00069849
PGSC0003DMG400024786	-7.8163873	0.41109696	70.0206102	4.95E-05	0.00069849
PGSC0003DMG400019851	3.09308197	0.7237795	39.6629711	4.98E-05	0.00070021
PGSC0003DMG400019200	2.40942056	2.76063027	39.6600047	4.98E-05	0.00070021
PGSC0003DMG400030291	-3.18456232	2.13021477	39.5736659	5.03E-05	0.00070409
PGSC0003DMG400014271	-2.29705854	1.91824827	39.4708927	5.09E-05	0.00071037
PGSC0003DMG400009525	-3.74191489	1.64351481	39.4025411	5.13E-05	0.00071482
PGSC0003DMG400013120	-3.53888074	0.32446296	39.3975868	5.13E-05	0.00071482
PGSC0003DMG400008097	-12.6183293	2.82756766	69.1341451	5.17E-05	0.00071907
PGSC0003DMG400024249	2.11363321	4.36597069	39.320269	5.18E-05	0.00071912
PGSC0003DMG401014997	5.07079424	4.42334654	39.3082555	5.18E-05	0.0007196
PGSC0003DMG401033165	-8.20926181	-0.60579595	69.0126567	5.20E-05	0.00072181
PGSC0003DMG400022578	2.06770032	2.66433023	39.2259067	5.23E-05	0.00072541
PGSC0003DMG400018102	-3.77122718	4.49852583	39.1883785	5.25E-05	0.00072699
PGSC0003DMG400018930	3.71620029	3.78482062	39.1781858	5.26E-05	0.00072733
PGSC0003DMG400012174	2.46073388	1.90151223	39.1117395	5.30E-05	0.00073188
PGSC0003DMG400028541	7.7217842	0.33039455	39.0358723	5.35E-05	0.00073733
PGSC0003DMG400013716	-8.21963559	-0.67565374	68.4183931	5.36E-05	0.00073733
PGSC0003DMG400009601	2.05270035	3.9819173	38.9999674	5.37E-05	0.00073823
PGSC0003DMG400014274	-2.63771566	2.78938532	38.9663773	5.39E-05	0.00073954
PGSC0003DMG400026290	2.03965044	6.32661754	38.9328604	5.41E-05	0.00074084
PGSC0003DMG400022286	3.58560631	0.84954272	38.9220117	5.42E-05	0.00074125
PGSC0003DMG400006058	10.2138948	1.15552147	47.8257217	5.59E-05	0.00076085
PGSC0003DMG400003774	2.25951041	5.11853047	38.6547826	5.59E-05	0.00076085
PGSC0003DMG400006793	2.97999193	3.15476188	38.6447904	5.60E-05	0.0007612
PGSC0003DMG400001053	-3.00239048	0.90897205	38.6304508	5.61E-05	0.00076194
PGSC0003DMG400027960	3.56531096	3.84033722	38.6095824	5.62E-05	0.00076236
PGSC0003DMG400011618	2.93872855	2.78718346	38.51603	5.68E-05	0.00076948
PGSC0003DMG400030472	-2.68094639	4.60674263	38.4114831	5.75E-05	0.00077785
PGSC0003DMG400010236	2.1022467	6.64829936	38.3828855	5.77E-05	0.00077992
PGSC0003DMG400011313	3.21146729	4.23000482	38.2962015	5.83E-05	0.00078569
PGSC0003DMG400035689	3.105315	5.36962833	38.2803323	5.84E-05	0.00078661
PGSC0003DMG400005061	-3.9992886	0.34036395	38.2540553	5.86E-05	0.00078794
PGSC0003DMG400026801	2.28795438	1.15760443	38.2380254	5.87E-05	0.00078834
PGSC0003DMG400016506	3.1926191	3.17768088	38.1307441	5.94E-05	0.00079425
PGSC0003DMG400016719	2.26533712	2.16977099	38.1275438	5.95E-05	0.00079425

«continuación»

PGSC0003DMG400025537	4.82815754	1.06640551	47.0068013	5.98E-05	0.00079843
PGSC0003DMG400023932	3.47065053	1.20677141	38.0042031	6.03E-05	0.00080331
PGSC0003DMG400018028	-5.26351624	-0.93439178	37.9956217	6.04E-05	0.00080331
PGSC0003DMG400017830	2.62609882	1.19813534	37.9587377	6.06E-05	0.00080468
PGSC0003DMG400030995	2.53909399	5.58212721	37.9419016	6.08E-05	0.00080513
PGSC0003DMG400020443	2.01835157	7.64269815	37.9321435	6.08E-05	0.00080513
PGSC0003DMG400005538	-2.61238101	2.8928467	37.9300324	6.09E-05	0.00080513
PGSC0003DMG400042108	4.2962097	3.04098046	37.9273494	6.09E-05	0.00080513
PGSC0003DMG400029415	-5.33548236	1.38972004	37.9178257	6.09E-05	0.00080528
PGSC0003DMG400043108	3.88644144	2.62318166	37.9069726	6.10E-05	0.00080576
PGSC0003DMG400006841	-2.4753111	4.77069409	37.7921522	6.19E-05	0.00081536
PGSC0003DMG400022961	7.89275827	-0.24500041	46.5792598	6.21E-05	0.00081627
PGSC0003DMG400023741	2.16589241	4.85548341	37.638669	6.30E-05	0.00082332
PGSC0003DMG400010369	-5.30056259	5.10740894	37.6097595	6.32E-05	0.00082348
PGSC0003DMG402008965	-4.2298011	2.042253	37.5708872	6.35E-05	0.00082619
PGSC0003DMG400023386	3.20600806	-0.19380909	37.4814762	6.42E-05	0.00083329
PGSC0003DMG401027561	-8.88099515	-0.3837679	64.606279	6.50E-05	0.00084078
PGSC0003DMG400004931	8.80366305	-0.67481487	64.5205562	6.53E-05	0.00084367
PGSC0003DMG400024969	-3.66478483	0.10957819	37.2167968	6.62E-05	0.00085228
PGSC0003DMG400020498	-2.04217557	5.90238474	37.2025543	6.64E-05	0.00085308
PGSC0003DMG400031534	-3.76754241	3.15315647	37.1155214	6.71E-05	0.0008575
PGSC0003DMG400000645	10.1851662	0.67147948	45.6543862	6.72E-05	0.00085845
PGSC0003DMG401003864	2.15293845	2.4504442	37.069734	6.74E-05	0.00085941
PGSC0003DMG400003057	-7.00491505	5.67841572	37.0499115	6.76E-05	0.00086064
PGSC0003DMG400000869	-4.26257129	1.27334571	37.0413887	6.77E-05	0.00086065
PGSC0003DMG400007801	10.4036574	1.58699686	63.6683468	6.83E-05	0.00086661
PGSC0003DMG400013171	-3.5905464	1.57864987	36.9624181	6.83E-05	0.00086661
PGSC0003DMG400036966	2.20345242	2.93425074	36.8150689	6.95E-05	0.00087868
PGSC0003DMG400013040	2.06784473	3.13451783	36.8149744	6.95E-05	0.00087868
PGSC0003DMG400007171	6.42041609	0.84971579	36.7479657	7.01E-05	0.00088413
PGSC0003DMG400007740	2.3571421	3.04052011	36.7429151	7.01E-05	0.00088413
PGSC0003DMG400009375	3.48256881	0.28249614	36.7039339	7.05E-05	0.00088602
PGSC0003DMG400007920	3.35820533	-0.11826415	36.6012286	7.13E-05	0.00089597
PGSC0003DMG400024967	-2.5595351	7.24352041	36.595586	7.14E-05	0.00089601
PGSC0003DMG400007809	8.83300837	-0.23239647	44.9031297	7.18E-05	0.00089909
PGSC0003DMG400040317	-7.50097862	0.45485434	44.8395269	7.22E-05	0.00090357
PGSC0003DMG403006826	-4.22679866	1.49752552	36.4391014	7.28E-05	0.00090913
PGSC0003DMG400017142	8.48435996	-0.89155629	62.3738451	7.31E-05	0.00091305
PGSC0003DMG400014664	5.43738811	-0.05850357	36.2696385	7.43E-05	0.00092213
PGSC0003DMG400017190	-4.46177855	-0.23785092	36.2552714	7.44E-05	0.00092213
PGSC0003DMG400002169	-3.11210489	6.50781989	36.21913	7.48E-05	0.00092498
PGSC0003DMG400016188	4.85206776	1.39802307	36.1902585	7.50E-05	0.00092706
PGSC0003DMG403019589	-2.1226494	2.90502392	36.1852381	7.51E-05	0.00092706
PGSC0003DMG400004468	2.14242548	2.40211184	36.1727019	7.52E-05	0.0009279
PGSC0003DMG400022067	-9.38852175	0.03393638	61.7735315	7.55E-05	0.00093067
PGSC0003DMG400011951	3.94247038	5.5972143	36.0965035	7.59E-05	0.00093247
PGSC0003DMG400020597	2.79723334	0.56740239	36.0760231	7.61E-05	0.00093364

«continuación»

PGSC0003DMG400045810	4.54266166	1.00993773	36.0528118	7.63E-05	0.00093572
PGSC0003DMG400004370	-6.51627399	0.11362591	44.0775192	7.72E-05	0.000945
PGSC0003DMG400014095	-2.49014352	7.7664277	35.8995167	7.77E-05	0.00094935
PGSC0003DMG400020939	-6.16603544	0.39637935	35.850283	7.82E-05	0.00095274
PGSC0003DMG400018131	-2.23440247	3.65787348	35.8097875	7.86E-05	0.00095408
PGSC0003DMG400016283	4.76712591	1.1221528	35.7880134	7.88E-05	0.00095498
PGSC0003DMG403019771	9.90465756	0.47622705	60.7510883	7.99E-05	0.00096447
PGSC0003DMG400030125	2.24269002	2.24617744	35.6460583	8.02E-05	0.00096803
PGSC0003DMG400034790	-5.27673897	6.90807083	35.5318744	8.14E-05	0.00097863
PGSC0003DMG400018406	-8.90050363	-0.61871765	60.3747128	8.16E-05	0.00097863
PGSC0003DMG400003507	-3.25156218	1.31834836	35.4395926	8.23E-05	0.00098586
PGSC0003DMG400008636	-5.34181536	1.24509061	35.428818	8.24E-05	0.00098657
PGSC0003DMG400007240	3.17721172	2.12321292	35.3823329	8.29E-05	0.0009917

ANEXO 13: Tabla de 654 Genes Expresados Diferencialmente solo en el transcriptoma de Wira Pasña (*Solanum goniocalix*); entre 48 hpi vs 00 hpi con LogFC de 2, pValue \leq 0.0001 y FDR < 0.001

Gene ID	logFC	logCPM	F	PValue	FDR
PGSC0003DMG400006075	-5.46125819	6.56345133	638.091795	2.27E-11	2.10E-07
PGSC0003DMG401029613	5.21301186	4.85489058	626.376852	2.52E-11	2.10E-07
PGSC0003DMG400002221	-6.03668784	3.73073588	598.897525	3.23E-11	2.10E-07
PGSC0003DMG400020636	-4.36194398	3.65955451	512.347405	7.75E-11	3.77E-07
PGSC0003DMG400000110	6.74367897	5.86545829	472.822297	1.21E-10	4.72E-07
PGSC0003DMG400003380	4.08612165	4.92602789	388.434734	3.62E-10	1.17E-06
PGSC0003DMG400007679	3.83615458	5.04223629	368.231059	4.87E-10	1.35E-06
PGSC0003DMG400007302	2.62381823	5.27781293	303.922956	1.41E-09	3.03E-06
PGSC0003DMG400006131	3.21859857	3.44282053	296.711189	1.61E-09	3.03E-06
PGSC0003DMG400013036	-15.2344493	5.70161833	1219.04354	1.72E-09	3.03E-06
PGSC0003DMG402017089	2.63844776	3.6490442	291.666471	1.77E-09	3.03E-06
PGSC0003DMG400026863	-2.92611595	4.31914802	287.563566	1.91E-09	3.03E-06
PGSC0003DMG400002276	-5.81018064	1.82144693	284.49239	2.03E-09	3.03E-06
PGSC0003DMG401030815	-5.31835415	3.81554426	278.213143	2.29E-09	3.18E-06
PGSC0003DMG400004599	-13.5790403	4.24806792	1086.84625	2.63E-09	3.41E-06
PGSC0003DMG400000655	11.9620996	5.14095699	251.542325	3.98E-09	4.26E-06
PGSC0003DMG400008368	3.05122475	4.84702085	248.833559	4.22E-09	4.26E-06
PGSC0003DMG400030087	2.49520559	6.91518936	248.31753	4.27E-09	4.26E-06
PGSC0003DMG400002871	8.99626885	3.91488574	246.792444	4.42E-09	4.26E-06
PGSC0003DMG400015707	-2.51661862	3.23783519	246.205871	4.48E-09	4.26E-06
PGSC0003DMG400028435	-6.52056755	1.98920501	245.039457	4.60E-09	4.26E-06
PGSC0003DMG400021726	5.67602242	2.52482363	242.213856	4.90E-09	4.33E-06
PGSC0003DMG401021841	6.59318925	3.79876759	233.528742	5.98E-09	5.05E-06
PGSC0003DMG400029752	15.9276423	6.03541564	852.168848	6.43E-09	5.07E-06
PGSC0003DMG403029631	-5.61874382	3.13624222	229.832328	6.52E-09	5.07E-06
PGSC0003DMG400005471	-3.19086601	4.64350741	227.227834	6.94E-09	5.19E-06
PGSC0003DMG400018462	-4.26534179	2.44271404	225.203387	7.28E-09	5.25E-06
PGSC0003DMG400018290	-4.51817774	3.3640866	220.48209	8.18E-09	5.68E-06
PGSC0003DMG400013478	3.24816296	4.98957809	217.212371	8.87E-09	5.95E-06
PGSC0003DMG401014805	2.31705848	5.32301548	214.934426	9.39E-09	6.09E-06
PGSC0003DMG400004597	-3.17486803	4.15243605	213.24358	9.80E-09	6.15E-06
PGSC0003DMG400024980	10.2870069	3.05511208	314.516704	1.51E-08	8.92E-06
PGSC0003DMG401024222	-12.2176997	2.8747529	672.466779	1.53E-08	8.92E-06
PGSC0003DMG400012950	4.20351805	3.7737266	195.75502	1.56E-08	8.92E-06
PGSC0003DMG400031420	4.9647868	6.9610225	193.539947	1.66E-08	9.22E-06
PGSC0003DMG400021567	-4.61714137	3.92384125	192.35453	1.71E-08	9.26E-06
PGSC0003DMG400028222	3.65397688	8.04049017	189.873187	1.84E-08	9.48E-06
PGSC0003DMG400028085	-12.3728305	2.92446569	634.150082	1.90E-08	9.48E-06
PGSC0003DMG401007871	-2.35492142	4.53365796	185.180812	2.11E-08	1.01E-05
PGSC0003DMG400014369	2.58990803	6.4903654	184.743263	2.13E-08	1.01E-05
PGSC0003DMG400022094	-9.82374445	4.40108956	287.516003	2.28E-08	1.06E-05
PGSC0003DMG400025862	-2.52447325	6.42128563	177.663966	2.63E-08	1.12E-05
PGSC0003DMG400004683	-12.1946079	3.06456022	578.397112	2.66E-08	1.12E-05

«continuación»

PGSC0003DMG400001559	2.59132349	2.81587964	176.830721	2.70E-08	1.12E-05
PGSC0003DMG402017902	2.31678992	6.35302223	176.4202	2.73E-08	1.12E-05
PGSC0003DMG402024222	-4.38764484	4.47377798	176.088419	2.76E-08	1.12E-05
PGSC0003DMG400016551	2.00775093	6.42816476	172.704757	3.07E-08	1.22E-05
PGSC0003DMG400000325	3.63050912	6.68707818	171.767134	3.16E-08	1.23E-05
PGSC0003DMG400022791	2.64513287	5.4320145	168.09656	3.54E-08	1.35E-05
PGSC0003DMG400010017	2.40621828	5.60180999	165.145815	3.90E-08	1.41E-05
PGSC0003DMG400025108	3.85646355	6.72218393	165.000959	3.92E-08	1.41E-05
PGSC0003DMG400009689	2.56585935	6.42454391	163.755806	4.08E-08	1.44E-05
PGSC0003DMG400011141	-5.15899931	3.04614267	161.836302	4.34E-08	1.51E-05
PGSC0003DMG400022859	9.58645945	3.62215214	154.537608	5.56E-08	1.90E-05
PGSC0003DMG400007066	2.2426947	4.98966333	153.339339	5.80E-08	1.94E-05
PGSC0003DMG400014133	-2.78303871	4.04995762	151.594765	6.16E-08	2.00E-05
PGSC0003DMG400000521	-2.75298649	3.30777724	151.56466	6.17E-08	2.00E-05
PGSC0003DMG400005590	7.32781794	3.06220155	148.867913	6.79E-08	2.15E-05
PGSC0003DMG400021289	-3.1375193	4.12182758	146.686776	7.34E-08	2.27E-05
PGSC0003DMG400023680	2.39598076	6.01186987	146.073899	7.51E-08	2.28E-05
PGSC0003DMG400022294	2.26698664	8.47526163	144.968677	7.82E-08	2.34E-05
PGSC0003DMG400025299	2.42014214	7.57132126	144.307261	8.01E-08	2.36E-05
PGSC0003DMG400031271	6.68720656	8.47361711	143.440645	8.27E-08	2.40E-05
PGSC0003DMG400026289	3.3906728	4.88167511	143.023046	8.40E-08	2.40E-05
PGSC0003DMG402027085	2.75054014	3.46031076	142.610076	8.53E-08	2.40E-05
PGSC0003DMG400010819	2.83434962	5.57930866	141.848797	8.78E-08	2.44E-05
PGSC0003DMG400023485	10.9589072	1.73882265	413.258686	9.09E-08	2.46E-05
PGSC0003DMG400025434	2.00059865	5.4680188	140.874179	9.10E-08	2.46E-05
PGSC0003DMG400003342	-2.45545175	3.63671385	139.709496	9.51E-08	2.50E-05
PGSC0003DMG400031000	-2.37174756	7.63925774	139.604722	9.55E-08	2.50E-05
PGSC0003DMG400031310	3.85583312	1.50249179	139.350871	9.64E-08	2.50E-05
PGSC0003DMG400017100	-3.02858826	3.79813614	138.20724	1.01E-07	2.56E-05
PGSC0003DMG402001341	3.52850807	3.68569299	138.024977	1.01E-07	2.56E-05
PGSC0003DMG400029750	9.05694079	3.77063396	136.997975	1.06E-07	2.63E-05
PGSC0003DMG400030950	2.621285	4.73266911	134.658271	1.16E-07	2.85E-05
PGSC0003DMG400030581	2.85965173	2.48092753	133.419811	1.21E-07	2.95E-05
PGSC0003DMG400006101	2.44890608	5.92791995	132.878542	1.24E-07	2.97E-05
PGSC0003DMG400031557	-8.49261607	1.9310672	132.655814	1.25E-07	2.97E-05
PGSC0003DMG400011517	3.13537406	2.94242761	132.255868	1.27E-07	2.98E-05
PGSC0003DMG400014286	-11.1794188	1.52848351	375.842454	1.29E-07	2.98E-05
PGSC0003DMG400031547	12.1287009	2.64199924	374.46119	1.30E-07	2.98E-05
PGSC0003DMG400008596	8.4725759	1.80749092	130.15151	1.38E-07	3.07E-05
PGSC0003DMG400027639	10.8542687	1.52656481	193.182218	1.39E-07	3.07E-05
PGSC0003DMG400016589	2.07942909	7.28996432	128.661929	1.47E-07	3.19E-05
PGSC0003DMG400016207	2.49860019	8.08163056	128.549289	1.48E-07	3.19E-05
PGSC0003DMG400002847	5.10689128	3.41120504	128.114347	1.50E-07	3.20E-05
PGSC0003DMG400007672	-3.16114384	7.78463777	127.878014	1.52E-07	3.20E-05
PGSC0003DMG400011639	2.77295864	4.87686457	127.465111	1.54E-07	3.20E-05

«continuación»

PGSC0003DMG400021874	-12.9276098	3.54499847	356.230913	1.56E-07	3.20E-05
PGSC0003DMG400021875	-10.3303806	1.63331037	352.293751	1.63E-07	3.26E-05
PGSC0003DMG400003936	2.79629292	7.41615294	125.204716	1.70E-07	3.33E-05
PGSC0003DMG400023126	-6.46472702	1.65318271	125.145607	1.70E-07	3.33E-05
PGSC0003DMG400017246	6.44406592	2.53904571	125.020781	1.71E-07	3.33E-05
PGSC0003DMG401022886	2.40922542	5.08832546	124.231628	1.77E-07	3.37E-05
PGSC0003DMG400008455	2.14939252	4.13999455	123.449378	1.83E-07	3.37E-05
PGSC0003DMG400007469	2.34438019	3.69830054	123.392813	1.83E-07	3.37E-05
PGSC0003DMG400021882	2.54076708	5.49746962	123.366601	1.83E-07	3.37E-05
PGSC0003DMG401015009	-3.37861045	1.80485212	122.784019	1.88E-07	3.37E-05
PGSC0003DMG400005661	-2.59725736	5.17214008	122.541316	1.90E-07	3.37E-05
PGSC0003DMG400007946	3.23519582	3.73829586	122.467369	1.91E-07	3.37E-05
PGSC0003DMG400013161	-12.157024	3.02328993	332.434241	2.01E-07	3.37E-05
PGSC0003DMG402017380	-2.95562084	4.215241	120.977379	2.03E-07	3.37E-05
PGSC0003DMG400003345	7.20953819	2.80675401	120.494617	2.08E-07	3.37E-05
PGSC0003DMG400001841	2.28615157	6.51925877	120.395967	2.09E-07	3.37E-05
PGSC0003DMG400023762	9.52330659	2.90153063	176.354834	2.09E-07	3.37E-05
PGSC0003DMG400027638	10.0327216	3.88304554	120.017196	2.12E-07	3.37E-05
PGSC0003DMG400014299	-6.35180575	3.27518362	120.001754	2.12E-07	3.37E-05
PGSC0003DMG400021985	-10.5877422	1.37511805	326.859555	2.13E-07	3.37E-05
PGSC0003DMG400017234	3.30958481	2.80337598	119.671759	2.15E-07	3.37E-05
PGSC0003DMG400020377	4.88793851	3.1012181	119.535084	2.17E-07	3.37E-05
PGSC0003DMG400016915	2.60735425	6.91235949	118.315302	2.29E-07	3.53E-05
PGSC0003DMG400021725	2.41132101	3.31610677	117.569895	2.36E-07	3.61E-05
PGSC0003DMG400016050	-10.3930694	1.05724387	171.319797	2.38E-07	3.61E-05
PGSC0003DMG400019774	-11.4154268	2.12597538	313.156386	2.49E-07	3.68E-05
PGSC0003DMG400012466	3.00836729	4.69450977	116.315195	2.50E-07	3.68E-05
PGSC0003DMG400022355	-2.36666624	5.86157676	116.082886	2.52E-07	3.69E-05
PGSC0003DMG400005987	2.27484463	6.1075008	114.820666	2.67E-07	3.80E-05
PGSC0003DMG400009378	2.38004199	5.47998394	114.586818	2.70E-07	3.81E-05
PGSC0003DMG400010738	-3.22290524	2.54564001	114.294825	2.74E-07	3.83E-05
PGSC0003DMG400029132	-8.18295011	2.62869404	113.816413	2.80E-07	3.89E-05
PGSC0003DMG400003083	2.56165663	7.66773944	113.424954	2.85E-07	3.91E-05
PGSC0003DMG400013989	2.62133885	3.55002088	113.363466	2.86E-07	3.91E-05
PGSC0003DMG400024829	-2.58094826	3.05319105	112.378326	2.99E-07	4.07E-05
PGSC0003DMG400006838	-3.27514367	5.35262409	112.212417	3.01E-07	4.07E-05
PGSC0003DMG400021728	-2.62348397	4.13762328	111.718026	3.08E-07	4.14E-05
PGSC0003DMG400013696	-5.16878429	4.55899769	110.697128	3.24E-07	4.29E-05
PGSC0003DMG400033357	5.71262221	1.99941769	110.526891	3.26E-07	4.29E-05
PGSC0003DMG400030341	2.93211962	4.71621447	110.304054	3.30E-07	4.30E-05
PGSC0003DMG400002552	-3.3195194	8.9975548	110.026026	3.34E-07	4.33E-05
PGSC0003DMG400007741	2.62033954	4.21365028	109.467592	3.43E-07	4.39E-05
PGSC0003DMG400013210	-10.6889498	1.41817042	284.353941	3.54E-07	4.42E-05
PGSC0003DMG400024720	-2.7580315	8.50147537	108.640467	3.57E-07	4.42E-05
PGSC0003DMG400024363	4.22736307	2.52194444	108.390209	3.61E-07	4.44E-05
PGSC0003DMG400036966	4.14367502	2.93425074	108.095554	3.66E-07	4.48E-05
PGSC0003DMG400014158	2.05167811	6.37957681	107.646185	3.74E-07	4.53E-05

«continuación»

PGSC0003DMG400025547	11.5993875	2.1117301	279.861045	3.75E-07	4.53E-05
PGSC0003DMG400030418	2.3351165	4.79652923	107.0734	3.85E-07	4.59E-05
PGSC0003DMG400024501	2.27502427	7.69990004	106.321149	3.99E-07	4.73E-05
PGSC0003DMG400005666	3.84970543	2.63044846	106.093002	4.04E-07	4.76E-05
PGSC0003DMG400023419	3.73776837	5.59013577	105.850694	4.08E-07	4.78E-05
PGSC0003DMG400037701	10.1953921	1.20663109	270.699738	4.23E-07	4.89E-05
PGSC0003DMG400003619	2.25358415	5.46172715	104.457916	4.37E-07	5.00E-05
PGSC0003DMG400017323	-7.63310961	1.57911477	104.225428	4.42E-07	5.03E-05
PGSC0003DMG400007605	-6.95059058	1.65913453	103.781675	4.52E-07	5.07E-05
PGSC0003DMG400020489	2.42876261	3.6363423	103.74345	4.53E-07	5.07E-05
PGSC0003DMG400009638	2.37486561	3.84110802	102.26588	4.88E-07	5.27E-05
PGSC0003DMG400024219	2.95063143	7.37476081	102.176878	4.90E-07	5.27E-05
PGSC0003DMG400038425	11.1471722	1.63449522	255.494865	5.21E-07	5.51E-05
PGSC0003DMG400011278	2.22312468	4.09140511	100.400898	5.37E-07	5.61E-05
PGSC0003DMG400019900	-2.61036094	3.7243056	100.075897	5.46E-07	5.64E-05
PGSC0003DMG400015071	-10.2489443	0.90095566	252.164307	5.46E-07	5.64E-05
PGSC0003DMG400014588	-10.0563646	0.47410283	141.908753	5.51E-07	5.64E-05
PGSC0003DMG400011670	10.3941358	1.3533166	251.557455	5.51E-07	5.64E-05
PGSC0003DMG400002217	-5.67225342	3.35433656	99.6356052	5.58E-07	5.69E-05
PGSC0003DMG400026750	3.70223045	5.49960033	99.4710478	5.63E-07	5.70E-05
PGSC0003DMG400002408	-3.92226756	2.2562951	99.3360859	5.67E-07	5.70E-05
PGSC0003DMG400025772	4.60297378	2.98175422	99.2075861	5.71E-07	5.70E-05
PGSC0003DMG400013533	3.14085118	2.14212165	98.095555	6.05E-07	6.01E-05
PGSC0003DMG400016848	2.20413043	4.00732484	97.395406	6.28E-07	6.14E-05
PGSC0003DMG400006319	3.99438596	3.8965817	96.7571527	6.50E-07	6.32E-05
PGSC0003DMG400008628	-8.06990957	0.56181454	136.528785	6.53E-07	6.32E-05
PGSC0003DMG401002721	2.54534646	4.62453838	96.0854504	6.73E-07	6.48E-05
PGSC0003DMG400042461	-10.3506198	1.08805225	235.768859	6.96E-07	6.67E-05
PGSC0003DMG400024391	2.48353661	3.19581579	95.2647595	7.04E-07	6.71E-05
PGSC0003DMG400001406	3.94858064	2.2791463	94.1902601	7.46E-07	6.98E-05
PGSC0003DMG400018163	-3.97130433	1.60113226	94.1837779	7.46E-07	6.98E-05
PGSC0003DMG400027929	-4.60024141	0.23643375	94.0471352	7.52E-07	7.00E-05
PGSC0003DMG400037460	-3.56796518	2.70680534	93.9211731	7.57E-07	7.01E-05
PGSC0003DMG400013090	-4.70455658	2.97304805	93.8376901	7.60E-07	7.01E-05
PGSC0003DMG400009704	2.59194978	3.78549596	93.485271	7.75E-07	7.08E-05
PGSC0003DMG400024527	3.31634283	3.3238818	93.1489218	7.90E-07	7.13E-05
PGSC0003DMG400013559	5.26873437	2.97902927	93.1485221	7.90E-07	7.13E-05
PGSC0003DMG400005930	-2.28160654	6.88638732	93.1093298	7.91E-07	7.13E-05
PGSC0003DMG400019233	-2.79864885	4.07890934	92.9735807	7.97E-07	7.15E-05
PGSC0003DMG400004979	10.881192	1.37240029	226.207797	8.08E-07	7.18E-05
PGSC0003DMG400002658	-5.7793428	3.15051092	92.4293153	8.22E-07	7.18E-05
PGSC0003DMG400033641	-3.55540819	4.97299529	92.2268593	8.31E-07	7.18E-05
PGSC0003DMG400017204	-2.3065824	4.14080441	91.3203272	8.74E-07	7.41E-05
PGSC0003DMG402030822	-2.76545808	6.4993714	91.2788223	8.76E-07	7.41E-05
PGSC0003DMG400009959	-3.58200348	6.74403532	91.1209334	8.84E-07	7.44E-05

«continuación»

PGSC0003DMG400028245	-2.59463605	4.47515696	90.7511205	9.02E-07	7.53E-05
PGSC0003DMG400015480	-10.3217203	1.12861081	218.603654	9.13E-07	7.59E-05
PGSC0003DMG400031758	4.08770921	2.03224198	90.121168	9.35E-07	7.62E-05
PGSC0003DMG400000783	-2.0133584	9.16239341	90.0283102	9.40E-07	7.62E-05
PGSC0003DMG400034710	10.9010651	1.28869656	216.771959	9.41E-07	7.62E-05
PGSC0003DMG400007870	-5.93670239	1.43189161	89.9221609	9.46E-07	7.62E-05
PGSC0003DMG400006722	-5.36793111	3.82002525	89.9169753	9.46E-07	7.62E-05
PGSC0003DMG401023369	-10.8397691	1.84316434	216.205585	9.50E-07	7.62E-05
PGSC0003DMG400029822	11.5166982	2.40971654	215.236562	9.66E-07	7.70E-05
PGSC0003DMG400024457	-2.27673087	3.4592877	89.2064446	9.85E-07	7.80E-05
PGSC0003DMG400029474	-8.64250222	1.84454557	89.1902619	9.86E-07	7.80E-05
PGSC0003DMG400023826	2.70789271	2.27491186	88.1638102	1.05E-06	8.12E-05
PGSC0003DMG400024097	2.58850495	3.33628809	88.1324793	1.05E-06	8.12E-05
PGSC0003DMG400032496	-10.4281057	1.01429116	208.520011	1.08E-06	8.35E-05
PGSC0003DMG400026281	2.0467546	6.84262466	87.2795719	1.10E-06	8.42E-05
PGSC0003DMG401032256	-7.03908768	0.29476199	87.1894388	1.11E-06	8.42E-05
PGSC0003DMG400031423	-3.87902617	3.97152245	87.0649455	1.11E-06	8.42E-05
PGSC0003DMG400022592	-4.93670962	3.50325483	87.0636228	1.12E-06	8.42E-05
PGSC0003DMG400012164	-2.33144153	5.34103847	86.8648176	1.13E-06	8.45E-05
PGSC0003DMG400042297	10.46947	1.00325126	206.08162	1.13E-06	8.45E-05
PGSC0003DMG401012062	-8.48179014	1.11153263	120.371656	1.14E-06	8.46E-05
PGSC0003DMG400015011	2.09351847	5.77318838	86.6942888	1.14E-06	8.46E-05
PGSC0003DMG400015040	-10.4893379	1.50220834	204.220214	1.17E-06	8.56E-05
PGSC0003DMG400007670	-2.42066724	6.70363027	86.0108404	1.19E-06	8.57E-05
PGSC0003DMG402025828	-4.47152044	1.28138616	85.709504	1.21E-06	8.64E-05
PGSC0003DMG400020685	-2.06079751	4.28306965	85.6402505	1.21E-06	8.64E-05
PGSC0003DMG400006346	2.32621165	3.62292091	85.5756412	1.22E-06	8.64E-05
PGSC0003DMG400027530	11.6204024	1.7308144	201.048539	1.23E-06	8.73E-05
PGSC0003DMG400029523	-11.5155552	2.79043772	200.473571	1.25E-06	8.78E-05
PGSC0003DMG400035539	-10.4239257	1.54933472	200.15968	1.25E-06	8.80E-05
PGSC0003DMG400030220	2.80547327	5.92867935	84.7037963	1.28E-06	8.97E-05
PGSC0003DMG400014468	7.36652215	0.95477743	84.3042166	1.31E-06	9.12E-05
PGSC0003DMG400021624	-2.12836377	4.35249259	83.8782762	1.35E-06	9.30E-05
PGSC0003DMG400025303	2.34259689	4.2851415	83.6253182	1.37E-06	9.31E-05
PGSC0003DMG400018635	2.8302799	8.27762383	83.6208772	1.37E-06	9.31E-05
PGSC0003DMG400008315	3.23821012	2.90829455	83.1029791	1.41E-06	9.51E-05
PGSC0003DMG400016827	2.63711078	3.99127675	82.9005305	1.43E-06	9.59E-05
PGSC0003DMG400006841	-3.88459635	4.77069409	82.0757926	1.50E-06	0.00010055
PGSC0003DMG400036082	-2.12339741	4.55719175	82.014851	1.51E-06	0.00010059
PGSC0003DMG400013629	3.37502323	4.52991092	81.8236414	1.53E-06	0.0001012
PGSC0003DMG400028873	10.2076479	1.10855388	187.696956	1.58E-06	0.00010334
PGSC0003DMG402017239	-10.4458335	1.70125842	111.499267	1.59E-06	0.0001039
PGSC0003DMG400001858	2.12517368	6.29077467	81.0207262	1.61E-06	0.0001039
PGSC0003DMG400011907	-10.2082885	0.84454997	111.230839	1.61E-06	0.0001039
PGSC0003DMG400010320	3.07065635	1.65678823	80.9798659	1.61E-06	0.0001039

«continuación»

PGSC0003DMG400000511	2.7268806	6.25136092	80.9495769	1.61E-06	0.0001039
PGSC0003DMG401019682	2.30237457	4.28814821	80.5616636	1.65E-06	0.00010518
PGSC0003DMG400045937	9.73628345	0.51567709	185.221439	1.65E-06	0.00010518
PGSC0003DMG400004600	-10.2814516	0.84011179	184.78867	1.67E-06	0.00010571
PGSC0003DMG400019960	2.03306612	5.96713789	80.1041121	1.70E-06	0.00010736
PGSC0003DMG400013283	2.83785164	3.00605174	80.0597961	1.71E-06	0.00010736
PGSC0003DMG400008593	5.90651931	2.24088258	79.9666811	1.72E-06	0.00010736
PGSC0003DMG400023479	-9.7558357	0.71817303	183.310472	1.72E-06	0.00010736
PGSC0003DMG400000843	-5.38441098	3.47978277	79.6704798	1.75E-06	0.00010829
PGSC0003DMG402023368	-9.9987743	1.00475532	181.129633	1.79E-06	0.00011021
PGSC0003DMG400031156	-2.66270514	2.19661085	79.2739458	1.79E-06	0.00011021
PGSC0003DMG400003446	-3.86193783	4.44631896	79.2438689	1.80E-06	0.00011021
PGSC0003DMG401019681	4.15418786	5.5880496	79.1328856	1.81E-06	0.00011064
PGSC0003DMG401021681	3.09882627	2.0252757	78.9607718	1.83E-06	0.00011099
PGSC0003DMG401018257	10.9004587	0.79514461	179.90382	1.84E-06	0.00011099
PGSC0003DMG400031279	10.1521666	0.90005915	179.869485	1.84E-06	0.00011099
PGSC0003DMG400007664	9.54344981	0.39993183	179.361642	1.86E-06	0.00011108
PGSC0003DMG400027630	2.24323598	4.63953009	78.6400345	1.87E-06	0.00011138
PGSC0003DMG400002433	9.85715216	0.46038609	177.422683	1.93E-06	0.00011442
PGSC0003DMG400011692	3.34767895	2.65945327	78.0778084	1.94E-06	0.00011442
PGSC0003DMG400018706	2.70444192	3.56844434	77.9791711	1.95E-06	0.0001148
PGSC0003DMG401014189	-2.25391002	2.82324273	77.727681	1.98E-06	0.0001163
PGSC0003DMG400022070	-9.91622285	0.64064597	176.017176	1.98E-06	0.0001163
PGSC0003DMG400024277	9.25713795	0.43214821	174.839039	2.03E-06	0.00011876
PGSC0003DMG401031520	3.53869466	4.37445759	77.2540752	2.04E-06	0.00011886
PGSC0003DMG400037235	-9.07989009	0.02050912	104.707237	2.09E-06	0.00012119
PGSC0003DMG400026411	3.49036015	1.24924278	76.8205913	2.10E-06	0.00012119
PGSC0003DMG400027259	-6.53836715	2.7172487	76.6581657	2.12E-06	0.00012177
PGSC0003DMG401032501	-3.7968422	2.01572017	76.4838484	2.15E-06	0.00012208
PGSC0003DMG400013266	-2.18696498	3.23273074	76.2703211	2.18E-06	0.00012309
PGSC0003DMG400011906	-7.23355286	3.2758213	75.8630008	2.24E-06	0.00012535
PGSC0003DMG402016602	-11.1200133	1.01623867	170.01071	2.25E-06	0.00012558
PGSC0003DMG400023416	2.25416413	8.1537729	75.6199714	2.27E-06	0.00012602
PGSC0003DMG400026461	2.38382211	4.9881007	75.6190607	2.27E-06	0.00012602
PGSC0003DMG400020898	-4.29622421	0.99541483	75.417368	2.30E-06	0.00012602
PGSC0003DMG400007815	3.58704404	6.75912203	75.3960715	2.31E-06	0.00012602
PGSC0003DMG400018822	-9.41215366	0.10664684	102.369186	2.31E-06	0.00012602
PGSC0003DMG400010587	-3.41274809	6.00383273	75.3538568	2.31E-06	0.00012602
PGSC0003DMG400021749	10.0631932	0.91311739	168.489219	2.32E-06	0.00012605
PGSC0003DMG400015342	-3.09626754	7.20073229	74.7104001	2.41E-06	0.00013045
PGSC0003DMG400032182	2.43600708	3.70260023	74.5661715	2.44E-06	0.00013119
PGSC0003DMG400036554	9.48102395	0.64159042	166.09168	2.44E-06	0.00013119
PGSC0003DMG400010585	-3.59193416	3.18217383	73.7639241	2.57E-06	0.00013616
PGSC0003DMG400019080	-5.5241897	1.99153177	73.7181919	2.58E-06	0.00013616
PGSC0003DMG400040510	2.29887787	3.40855414	73.7080815	2.58E-06	0.00013616

«continuación»

PGSC0003DMG400031277	10.0090639	0.89430298	162.683665	2.63E-06	0.00013781
PGSC0003DMG400014657	2.65631835	7.51329037	73.4019722	2.64E-06	0.00013789
PGSC0003DMG400027614	-7.73536167	1.47850939	73.3597847	2.64E-06	0.00013792
PGSC0003DMG400030666	2.6112961	2.03645662	73.0863485	2.69E-06	0.00013867
PGSC0003DMG400019604	-10.1062549	1.23238596	161.523752	2.70E-06	0.00013867
PGSC0003DMG400002732	-2.97675935	4.11101104	73.0462361	2.70E-06	0.00013867
PGSC0003DMG400014867	-2.62224628	4.64735764	72.698577	2.77E-06	0.00014052
PGSC0003DMG400009992	2.4877754	9.03589128	72.3694564	2.83E-06	0.00014336
PGSC0003DMG400009926	-5.80011212	1.28105081	72.2077544	2.86E-06	0.00014348
PGSC0003DMG400024432	-7.64181505	0.48576085	72.0608057	2.89E-06	0.00014457
PGSC0003DMG400017969	-5.03164435	3.10245265	71.9252852	2.92E-06	0.00014556
PGSC0003DMG400018934	3.14051575	2.80311582	71.5641764	2.99E-06	0.00014738
PGSC0003DMG400007925	-6.25586139	-0.14932796	71.3491786	3.04E-06	0.00014819
PGSC0003DMG400040677	9.41725243	2.31515006	70.8576321	3.14E-06	0.00015029
PGSC0003DMG400033643	-5.33585576	2.22986737	70.8437515	3.15E-06	0.00015029
PGSC0003DMG400016904	-9.54740573	0.1679665	95.2816991	3.15E-06	0.00015029
PGSC0003DMG400021247	-5.35626993	3.76260385	70.7185872	3.17E-06	0.0001505
PGSC0003DMG400021822	-9.31348486	0.1106047	154.146211	3.18E-06	0.0001505
PGSC0003DMG400022608	2.08472757	5.28597457	70.6596436	3.19E-06	0.0001505
PGSC0003DMG400005539	-4.34368055	3.46241675	70.6014326	3.20E-06	0.00015076
PGSC0003DMG400031303	4.5487196	2.41283294	70.4099701	3.24E-06	0.00015179
PGSC0003DMG400007666	9.58528782	0.34260646	153.252211	3.25E-06	0.00015179
PGSC0003DMG400034531	-9.43681299	0.30244927	153.098092	3.26E-06	0.00015179
PGSC0003DMG400005486	4.26225846	3.56726111	70.129624	3.31E-06	0.00015179
PGSC0003DMG400018417	2.90935581	1.92089793	70.0736037	3.32E-06	0.00015179
PGSC0003DMG400006726	-4.50207413	0.48594284	69.9499007	3.35E-06	0.00015179
PGSC0003DMG400011601	2.63841405	1.22500755	69.9429179	3.35E-06	0.00015179
PGSC0003DMG400012398	3.18489141	1.5800211	69.901484	3.36E-06	0.00015179
PGSC0003DMG400034093	9.35128528	0.63020994	151.517691	3.38E-06	0.00015203
PGSC0003DMG400026136	2.96208248	1.73817943	69.5406077	3.45E-06	0.00015466
PGSC0003DMG400031230	-2.34235105	4.92597193	69.1622208	3.55E-06	0.00015781
PGSC0003DMG400023741	3.0151728	4.85548341	68.9169479	3.61E-06	0.00015977
PGSC0003DMG402012062	-10.3082632	0.91031365	148.664388	3.62E-06	0.00015977
PGSC0003DMG400011953	5.30038118	8.53059596	68.7545562	3.65E-06	0.00016066
PGSC0003DMG400023751	2.72314552	4.68213327	68.701122	3.66E-06	0.00016091
PGSC0003DMG400024128	-2.53924692	1.87638351	67.9072746	3.88E-06	0.00016741
PGSC0003DMG400024786	10.4698339	0.41109696	145.46928	3.91E-06	0.00016827
PGSC0003DMG400013730	-9.62929067	0.48647675	144.75655	3.98E-06	0.00016913
PGSC0003DMG400022069	9.32391956	0.12262027	144.74888	3.98E-06	0.00016913
PGSC0003DMG400007271	-3.47247622	1.54022383	67.4194421	4.02E-06	0.00017046
PGSC0003DMG400000862	-2.80831438	1.11856145	67.2791189	4.06E-06	0.00017161
PGSC0003DMG400021803	-10.8146189	0.93592061	89.8080193	4.07E-06	0.00017161
PGSC0003DMG400003058	-10.0716357	4.68862544	67.0999187	4.12E-06	0.000173
PGSC0003DMG400016961	2.07114299	6.79370187	67.0474863	4.13E-06	0.00017314
PGSC0003DMG400032817	3.60311596	4.79666993	66.9785334	4.15E-06	0.00017314

«continuación»

PGSC0003DMG402007888	-9.67474544	0.02143746	142.912998	4.16E-06	0.00017314
PGSC0003DMG400002275	-4.54778377	0.27370137	66.7164982	4.24E-06	0.00017419
PGSC0003DMG400011287	2.8483451	5.79500325	66.6164753	4.27E-06	0.00017512
PGSC0003DMG400001430	3.68814776	4.37302057	66.4985689	4.30E-06	0.00017628
PGSC0003DMG400031515	-9.04507088	3.55688838	88.3057549	4.37E-06	0.00017868
PGSC0003DMG400005577	2.45933634	2.12723971	66.0378942	4.45E-06	0.00018128
PGSC0003DMG400000996	-9.40270785	0.41193153	139.725346	4.51E-06	0.00018306
PGSC0003DMG400026566	2.84092298	2.66062175	65.6822284	4.57E-06	0.000184
PGSC0003DMG400025537	10.4344081	1.06640551	86.9398959	4.67E-06	0.00018595
PGSC0003DMG400029920	-2.40191434	7.34242129	65.3383553	4.69E-06	0.00018635
PGSC0003DMG400002427	3.03781864	4.27267354	65.0828721	4.79E-06	0.00018806
PGSC0003DMG400009511	5.798413	2.65664136	64.9139923	4.85E-06	0.00019009
PGSC0003DMG400009837	3.19571169	3.3446905	64.8268	4.88E-06	0.00019097
PGSC0003DMG400030468	3.97357694	0.60463656	64.6807791	4.93E-06	0.00019232
PGSC0003DMG400016067	-7.7084917	0.47614161	85.4485667	5.03E-06	0.00019549
PGSC0003DMG401003179	3.78653549	2.59495839	64.4132069	5.03E-06	0.00019549
PGSC0003DMG400031274	9.47391914	0.73535308	135.351847	5.05E-06	0.00019552
PGSC0003DMG400024765	-3.00281613	4.49755651	64.1923352	5.12E-06	0.00019724
PGSC0003DMG400031850	-6.59225804	1.35455538	63.9154912	5.23E-06	0.00020067
PGSC0003DMG400004172	2.22101046	2.82804837	63.8802071	5.24E-06	0.00020082
PGSC0003DMG400019558	9.93845298	0.71850556	133.752289	5.26E-06	0.00020097
PGSC0003DMG400016372	-7.64859599	0.69064079	84.517077	5.28E-06	0.00020097
PGSC0003DMG400030300	2.91672219	2.24617581	63.7080399	5.31E-06	0.00020112
PGSC0003DMG400013265	4.32082647	1.32960433	63.7078679	5.31E-06	0.00020112
PGSC0003DMG400031267	8.97660459	0.00931055	132.945611	5.38E-06	0.00020304
PGSC0003DMG400018264	-3.59338989	2.75804878	63.4325229	5.43E-06	0.00020369
PGSC0003DMG400027327	2.13897275	7.72140378	63.4315482	5.43E-06	0.00020369
PGSC0003DMG400015878	4.03051893	-0.57644153	63.4171055	5.43E-06	0.00020369
PGSC0003DMG400025439	-4.77073869	0.42824927	63.1556019	5.55E-06	0.00020695
PGSC0003DMG400016650	-2.9297152	4.81189579	63.1138127	5.56E-06	0.00020695
PGSC0003DMG400026876	2.46970997	3.18317646	63.1127454	5.56E-06	0.00020695
PGSC0003DMG400020391	6.60677717	4.1798844	62.6791993	5.76E-06	0.00021146
PGSC0003DMG400023288	2.42979223	3.65362534	62.6069019	5.79E-06	0.00021146
PGSC0003DMG400024005	4.8849797	0.99151352	62.5924879	5.79E-06	0.00021146
PGSC0003DMG400031776	-2.63467783	1.32696269	62.4429284	5.86E-06	0.00021315
PGSC0003DMG400022744	-4.74331664	2.31942587	62.2854029	5.94E-06	0.00021499
PGSC0003DMG400030533	2.40204669	2.60829103	62.2485385	5.95E-06	0.00021521
PGSC0003DMG400003211	-2.14408896	2.746536	62.2239774	5.96E-06	0.00021523
PGSC0003DMG400029801	-7.01308923	0.04911275	62.1257656	6.01E-06	0.00021649
PGSC0003DMG400028596	2.38823964	3.16359137	62.0450756	6.05E-06	0.00021692
PGSC0003DMG400040013	9.9918506	0.64534857	128.550306	6.05E-06	0.00021692
PGSC0003DMG400016045	-9.79505196	0.53628788	128.385423	6.08E-06	0.00021738
PGSC0003DMG400003688	-4.23038408	3.76633244	61.7643815	6.18E-06	0.00021957
PGSC0003DMG400024594	-4.78392977	4.5850402	61.7011649	6.21E-06	0.00021979
PGSC0003DMG400002091	-2.56449468	1.50359372	61.4825614	6.32E-06	0.00022322

«continuación»

PGSC0003DMG400017452	-9.49178403	0.2131028	126.245202	6.45E-06	0.00022566
PGSC0003DMG400033348	-7.3690094	1.22839374	61.1953911	6.47E-06	0.00022588
PGSC0003DMG400009169	-9.93322801	1.13590933	125.147619	6.65E-06	0.00023104
PGSC0003DMG400037933	-4.40768222	2.8810918	60.7395713	6.71E-06	0.00023262
PGSC0003DMG400004062	2.2635401	7.3185722	60.6449533	6.76E-06	0.00023398
PGSC0003DMG400008062	2.12094518	3.09451481	60.6120913	6.78E-06	0.00023418
PGSC0003DMG400008098	-6.71038584	2.96065932	60.5270383	6.82E-06	0.00023495
PGSC0003DMG400025686	3.70036104	2.04542989	60.4384689	6.87E-06	0.00023621
PGSC0003DMG400007639	-7.42827808	3.48160958	60.2553258	6.98E-06	0.00023888
PGSC0003DMG400009035	3.00568721	6.69884884	60.2215915	6.99E-06	0.00023911
PGSC0003DMG400024364	9.3278979	-0.09373458	122.783958	7.11E-06	0.00024188
PGSC0003DMG400029128	-4.76304684	1.81400688	59.6675172	7.32E-06	0.00024641
PGSC0003DMG400033674	3.59643941	0.67049751	59.4302748	7.46E-06	0.00024996
PGSC0003DMG400016749	-14.1010716	5.09445786	77.8332523	7.49E-06	0.00024996
PGSC0003DMG400029129	-9.00759817	0.24742642	120.457453	7.61E-06	0.00025338
PGSC0003DMG400003313	-3.11363179	3.58949375	59.1496612	7.63E-06	0.00025376
PGSC0003DMG400023341	3.43705152	6.0564511	58.8945419	7.79E-06	0.00025781
PGSC0003DMG401017288	2.10311867	6.42794069	58.8066685	7.85E-06	0.00025924
PGSC0003DMG400007755	9.91966627	0.76833846	118.458826	8.07E-06	0.00026552
PGSC0003DMG400012083	2.22932356	2.62170297	58.3021012	8.18E-06	0.00026801
PGSC0003DMG400024259	-3.25892698	1.79562282	58.1173256	8.31E-06	0.00027049
PGSC0003DMG402032256	-9.86522	0.45386245	117.438882	8.32E-06	0.00027049
PGSC0003DMG402028118	9.76043115	0.53251881	117.30911	8.35E-06	0.00027064
PGSC0003DMG400027937	3.07173616	4.86731466	57.996663	8.39E-06	0.0002717
PGSC0003DMG400020588	8.29331653	0.42590914	57.8639013	8.49E-06	0.00027305
PGSC0003DMG400018253	2.66518566	2.54110401	57.8400826	8.51E-06	0.00027305
PGSC0003DMG401030805	-5.63672113	0.44468609	75.5250032	8.51E-06	0.00027305
PGSC0003DMG400018169	-5.4824077	2.55089325	57.798049	8.54E-06	0.00027305
PGSC0003DMG400029159	2.29048207	5.52358457	57.7931507	8.54E-06	0.00027305
PGSC0003DMG403029613	9.57100858	0.22880972	116.516824	8.55E-06	0.00027305
PGSC0003DMG400013120	4.54229201	0.32446296	57.7548203	8.57E-06	0.00027315
PGSC0003DMG400037923	-9.11753578	0.01269972	116.345711	8.59E-06	0.00027318
PGSC0003DMG400031032	10.2140055	0.7754444	115.865295	8.72E-06	0.0002762
PGSC0003DMG400018789	-3.35219263	6.32435225	57.3455755	8.87E-06	0.00027911
PGSC0003DMG400012502	3.79225716	1.00966802	57.3383051	8.87E-06	0.00027911
PGSC0003DMG400011502	-2.65780898	4.88759994	57.3038922	8.90E-06	0.00027911
PGSC0003DMG400004465	8.75589742	-0.18885677	115.145536	8.91E-06	0.00027912
PGSC0003DMG400004420	9.55993284	0.37437607	115.04459	8.94E-06	0.00027953
PGSC0003DMG400015722	4.10704622	1.94097704	57.049031	9.09E-06	0.0002829
PGSC0003DMG400005731	2.09374443	5.84514753	56.7434695	9.33E-06	0.00028893
PGSC0003DMG400018713	-4.0205107	1.31378861	56.6022258	9.44E-06	0.00029196
PGSC0003DMG400003811	-9.45906255	0.27957885	73.5935092	9.49E-06	0.00029265
PGSC0003DMG400026063	10.3541132	0.95914719	112.745756	9.59E-06	0.00029432
PGSC0003DMG400022335	-3.82254063	0.80208141	56.185471	9.78E-06	0.0002992
PGSC0003DMG400021397	10.5337518	1.05526943	111.870361	9.86E-06	0.00030103

«continuación»

PGSC0003DMG400035878	-5.18741235	7.3001217	56.0767092	9.87E-06	0.00030106
PGSC0003DMG400031278	8.67944802	-0.19144121	111.025853	1.01E-05	0.00030433
PGSC0003DMG400011295	2.1193079	8.83131672	55.4371392	1.04E-05	0.00031176
PGSC0003DMG400004061	-2.37179744	2.35648081	55.3949156	1.05E-05	0.00031216
PGSC0003DMG400020153	-2.77402981	1.5654215	55.3051473	1.06E-05	0.0003139
PGSC0003DMG402002919	2.97139054	1.75246414	55.2477	1.06E-05	0.00031447
PGSC0003DMG400015106	-7.57441848	1.76821597	55.2306898	1.06E-05	0.00031447
PGSC0003DMG400031168	3.39048708	4.34054239	55.0689149	1.08E-05	0.00031699
PGSC0003DMG400005098	-8.66798601	-0.45210169	109.02141	1.08E-05	0.00031699
PGSC0003DMG401030580	5.43487629	0.91340063	54.9835899	1.09E-05	0.00031843
PGSC0003DMG400003544	-2.80618199	2.12356026	54.6986714	1.11E-05	0.00032403
PGSC0003DMG400012522	-2.13705783	6.48795017	54.6979159	1.11E-05	0.00032403
PGSC0003DMG400017277	-10.4020528	0.34048468	70.8253275	1.12E-05	0.00032435
PGSC0003DMG400001074	2.39462218	3.73375022	54.3540467	1.15E-05	0.00033247
PGSC0003DMG400027757	-5.67307407	-0.25843324	54.2295985	1.16E-05	0.00033564
PGSC0003DMG400002213	-10.2546584	1.03597046	70.0571163	1.17E-05	0.00033637
PGSC0003DMG400030777	4.98700795	0.01852376	54.1491826	1.17E-05	0.00033637
PGSC0003DMG401025785	-8.76470225	-0.11471228	106.525943	1.17E-05	0.00033637
PGSC0003DMG404008678	3.34243824	1.07717677	54.1210473	1.17E-05	0.00033637
PGSC0003DMG400015727	9.17949728	0.05825916	105.885199	1.19E-05	0.00034169
PGSC0003DMG400031548	4.59847335	2.66229779	53.8574604	1.20E-05	0.000342
PGSC0003DMG400007876	3.72196405	3.27506077	53.8503937	1.20E-05	0.000342
PGSC0003DMG400028352	-7.0261064	0.96490089	53.5899576	1.23E-05	0.00034899
PGSC0003DMG400006632	-8.5768659	-0.18424903	104.506563	1.25E-05	0.00035453
PGSC0003DMG400013109	3.22477325	1.16636981	53.0290199	1.29E-05	0.00036175
PGSC0003DMG400014509	2.72531462	10.0247804	53.0110899	1.29E-05	0.00036175
PGSC0003DMG400024134	-10.3759894	1.12453914	103.514885	1.29E-05	0.00036175
PGSC0003DMG400025418	9.26075937	0.4828664	103.279299	1.30E-05	0.00036307
PGSC0003DMG400000685	2.50687922	7.90525257	52.7606387	1.32E-05	0.00036683
PGSC0003DMG400023445	-4.51911751	3.39786608	52.6087364	1.34E-05	0.00037031
PGSC0003DMG400018000	-9.24647419	-0.39635524	102.127163	1.35E-05	0.00037272
PGSC0003DMG400017185	-8.63358653	-0.17081277	67.586016	1.36E-05	0.00037289
PGSC0003DMG400019461	2.52062793	2.10323935	52.4084689	1.36E-05	0.00037391
PGSC0003DMG400031541	9.34402645	-0.04273213	101.679534	1.38E-05	0.00037621
PGSC0003DMG400003743	-4.01498906	2.40453009	52.3099508	1.38E-05	0.00037621
PGSC0003DMG400008796	3.25185937	6.94872886	52.266178	1.38E-05	0.00037718
PGSC0003DMG400004667	2.12173095	6.44520118	52.2005247	1.39E-05	0.00037785
PGSC0003DMG400022738	-2.83351475	4.11402808	52.1282985	1.40E-05	0.00037951
PGSC0003DMG400021956	-9.12595727	-0.37315286	101.018684	1.41E-05	0.00038067
PGSC0003DMG400019278	-5.09083041	2.47417587	52.0465622	1.41E-05	0.00038107
PGSC0003DMG400024287	9.02326775	-0.33957901	100.71475	1.42E-05	0.00038286
PGSC0003DMG400021574	2.50225897	6.16571616	51.9530349	1.42E-05	0.00038286
PGSC0003DMG400011724	8.10125983	-0.04568262	100.683624	1.42E-05	0.00038286
PGSC0003DMG400005961	-2.93565673	1.25755075	51.8942319	1.43E-05	0.00038362
PGSC0003DMG400019072	2.10342314	4.69773648	51.8542819	1.44E-05	0.00038409

«continuación»

PGSC0003DMG400014589	4.76019002	1.93767181	66.6402886	1.44E-05	0.00038434
PGSC0003DMG400022057	3.77462002	1.05117456	51.8173065	1.44E-05	0.00038434
PGSC0003DMG400001269	3.81345097	1.15889857	51.738488	1.45E-05	0.00038572
PGSC0003DMG400015190	-3.16895057	5.22440927	51.6873637	1.46E-05	0.00038577
PGSC0003DMG400016828	3.22831363	6.71891519	51.4754461	1.49E-05	0.0003923
PGSC0003DMG402027687	2.68871967	2.03044539	51.4593515	1.49E-05	0.00039235
PGSC0003DMG400037309	-8.86438192	-0.44325255	99.0906514	1.50E-05	0.00039503
PGSC0003DMG400013984	-9.44174421	4.91285943	51.2983132	1.51E-05	0.00039503
PGSC0003DMG400014459	4.42281107	7.04251814	51.2806101	1.51E-05	0.00039513
PGSC0003DMG400018924	7.45833581	-0.12703262	51.1832506	1.53E-05	0.00039817
PGSC0003DMG400033675	6.01353449	0.71465482	50.9762794	1.56E-05	0.00040265
PGSC0003DMG400001172	-8.68720557	-0.63810057	98.1235614	1.56E-05	0.00040265
PGSC0003DMG401013613	-6.68104089	-0.46425859	65.3200892	1.56E-05	0.00040418
PGSC0003DMG400018916	-8.33770527	5.46118615	50.760787	1.59E-05	0.00040918
PGSC0003DMG400003757	-3.64232678	1.01810892	50.7455721	1.59E-05	0.00040922
PGSC0003DMG400030210	-2.37271513	3.29744326	50.7123995	1.60E-05	0.00040955
PGSC0003DMG400002886	9.25761922	0.84835823	97.2457676	1.61E-05	0.00041158
PGSC0003DMG400010867	3.30277811	0.85287051	50.6222077	1.61E-05	0.00041178
PGSC0003DMG400013346	2.5350039	1.59529597	50.5262622	1.62E-05	0.00041386
PGSC0003DMG400008389	-5.83028855	1.61288542	50.3659061	1.65E-05	0.00041903
PGSC0003DMG400023764	3.36252257	4.81378177	50.2995098	1.66E-05	0.00041937
PGSC0003DMG400001773	2.11020869	2.16084418	50.2850173	1.66E-05	0.00041937
PGSC0003DMG401019239	-3.04853786	2.4629664	50.2793794	1.66E-05	0.00041937
PGSC0003DMG400030998	2.21337048	7.94114316	50.2499917	1.67E-05	0.00041937
PGSC0003DMG400012380	-2.73235362	2.95553183	49.6223559	1.77E-05	0.00043917
PGSC0003DMG400017654	-3.00317035	1.14913441	49.5830903	1.77E-05	0.00044025
PGSC0003DMG400031019	2.31972769	3.51325153	49.5295588	1.78E-05	0.00044193
PGSC0003DMG400047102	-9.42246759	0.08852779	93.9709391	1.81E-05	0.00044696
PGSC0003DMG400024365	2.44465769	2.58399538	49.3659713	1.81E-05	0.0004471
PGSC0003DMG400004553	-2.89422868	0.54561132	49.2190628	1.84E-05	0.00045146
PGSC0003DMG401013738	9.19850605	0.01591353	93.4070707	1.85E-05	0.00045234
PGSC0003DMG400017768	-5.12435285	0.28788766	48.9725212	1.88E-05	0.00045909
PGSC0003DMG400038332	-3.39528552	5.04345937	48.9507491	1.88E-05	0.00045947
PGSC0003DMG400014644	10.0636616	0.75979549	92.6034731	1.90E-05	0.00046314
PGSC0003DMG400029504	-2.80091217	2.57283951	48.7547933	1.92E-05	0.00046647
PGSC0003DMG400000416	2.29472657	4.27116076	48.6614966	1.94E-05	0.00046865
PGSC0003DMG400021867	-6.46057341	0.88646908	48.6380974	1.94E-05	0.00046865
PGSC0003DMG400011768	2.59577167	2.00160176	48.6274369	1.94E-05	0.00046865
PGSC0003DMG402002094	2.33152695	2.85162792	48.6162554	1.95E-05	0.00046865
PGSC0003DMG400015123	9.7998929	0.40056929	91.9180135	1.95E-05	0.00046932
PGSC0003DMG400019721	-3.20512008	1.73923945	48.3109383	2.01E-05	0.00047975
PGSC0003DMG400009037	-5.31457427	1.2011312	48.1051125	2.05E-05	0.00048766
PGSC0003DMG400031519	-4.02138746	4.09215295	48.0377733	2.06E-05	0.00048967
PGSC0003DMG400013225	9.11022903	0.02586669	90.4384379	2.06E-05	0.00048992
PGSC0003DMG400001327	-9.75727421	0.16438312	60.9729015	2.08E-05	0.000492

«continuación»

PGSC0003DMG400010807	-6.42132735	-0.07176987	47.7341492	2.12E-05	0.00049874
PGSC0003DMG400000766	-10.5203481	4.42661151	47.6969062	2.13E-05	0.00049897
PGSC0003DMG400012074	-8.87589388	-0.40375662	89.1747153	2.17E-05	0.00050667
PGSC0003DMG400026188	3.11542472	3.09059708	47.5017563	2.17E-05	0.00050677
PGSC0003DMG400013965	-3.07521722	1.96598917	47.4901921	2.17E-05	0.00050677
PGSC0003DMG401033165	8.9102528	-0.60579595	88.6344004	2.21E-05	0.0005143
PGSC0003DMG400009825	-6.75128247	3.97762866	47.2922965	2.22E-05	0.0005143
PGSC0003DMG400004730	-9.15210504	-0.23310312	88.4591913	2.23E-05	0.00051598
PGSC0003DMG400011989	3.86609826	4.35478646	47.1150911	2.25E-05	0.00051812
PGSC0003DMG400033340	-5.18548532	0.83558639	47.1019171	2.26E-05	0.00051812
PGSC0003DMG400010427	-2.89011371	1.46875854	47.06501	2.27E-05	0.00051833
PGSC0003DMG400007770	2.34817742	1.52819035	46.9769205	2.29E-05	0.00051925
PGSC0003DMG401006579	-2.09202577	1.11271113	46.966282	2.29E-05	0.00051925
PGSC0003DMG401026585	9.22198906	-0.16426383	87.755874	2.29E-05	0.00051925
PGSC0003DMG400019773	-10.9534822	2.20812044	59.5325028	2.30E-05	0.00052021
PGSC0003DMG400025550	-4.08808652	0.44318876	46.8320004	2.32E-05	0.00052336
PGSC0003DMG400009245	-2.07786585	6.11031683	46.7200093	2.35E-05	0.0005276
PGSC0003DMG400029349	-2.01733179	4.16817598	46.6512387	2.36E-05	0.0005292
PGSC0003DMG400042128	-8.78638133	-0.70572325	86.6893067	2.39E-05	0.00053289
PGSC0003DMG400022170	-4.20828663	1.80354661	46.5242772	2.39E-05	0.0005329
PGSC0003DMG400029572	-6.11090013	1.58036717	46.5068755	2.40E-05	0.00053322
PGSC0003DMG400025974	2.70113298	1.34516186	46.3981976	2.42E-05	0.00053845
PGSC0003DMG400016023	-8.97485244	-0.44949948	86.1104416	2.44E-05	0.00054214
PGSC0003DMG400031454	-5.01325064	3.98714879	46.2817576	2.45E-05	0.00054214
PGSC0003DMG400000731	-3.32631481	5.32294061	46.2735066	2.45E-05	0.00054214
PGSC0003DMG400009115	-2.5284837	4.99102413	46.1470859	2.48E-05	0.00054723
PGSC0003DMG400001615	-2.77853971	1.33281739	46.1283643	2.49E-05	0.00054764
PGSC0003DMG400040086	8.22536609	-0.73504707	85.5143632	2.50E-05	0.00054979
PGSC0003DMG400003812	2.3331589	3.26015097	46.0179019	2.52E-05	0.00055191
PGSC0003DMG402013738	9.00963051	-0.32781136	85.343331	2.52E-05	0.00055223
PGSC0003DMG400007496	-5.0086224	1.89622707	45.9589531	2.53E-05	0.00055396
PGSC0003DMG402009879	2.22999554	3.04414247	45.7466792	2.59E-05	0.00056411
PGSC0003DMG400013716	8.76713197	-0.67565374	84.3637293	2.62E-05	0.00057025
PGSC0003DMG400030630	-2.924429	1.27621982	45.6072904	2.62E-05	0.00057025
PGSC0003DMG400036825	8.23430159	-0.37158532	57.5420502	2.64E-05	0.00057286
PGSC0003DMG400010923	3.12542247	2.29329263	45.4693699	2.66E-05	0.00057512
PGSC0003DMG400001330	-3.34441728	1.53244974	45.3887086	2.68E-05	0.00057859
PGSC0003DMG400014798	2.01469856	4.37316751	45.2792934	2.71E-05	0.00058252
PGSC0003DMG400027455	-8.3650202	1.27861259	56.8893776	2.77E-05	0.00059233
PGSC0003DMG400043830	4.1577459	1.29559353	45.0259813	2.78E-05	0.00059524
PGSC0003DMG400018182	-3.48188256	4.51667407	44.9065906	2.82E-05	0.00059997
PGSC0003DMG400009513	4.91670717	5.2390999	44.6027194	2.91E-05	0.00061177
PGSC0003DMG400004370	9.30768379	0.11362591	56.1333276	2.92E-05	0.0006135
PGSC0003DMG401016617	-6.38617916	2.19654495	44.4974257	2.94E-05	0.00061585
PGSC0003DMG400029247	8.43301155	4.53656191	44.4938346	2.94E-05	0.00061585

«continuación»

PGSC0003DMG400030413	-5.7945424	3.20429979	44.3263418	2.99E-05	0.00062334
PGSC0003DMG400014095	-2.79958919	7.7664277	44.2634238	3.01E-05	0.0006263
PGSC0003DMG400002775	-6.36408878	1.41409995	44.1967881	3.03E-05	0.00062933
PGSC0003DMG401028834	4.34100701	1.19276858	44.0992067	3.07E-05	0.00063241
PGSC0003DMG400028185	2.25557258	3.26057733	44.041008	3.08E-05	0.00063426
PGSC0003DMG400004311	-5.62771683	2.01918482	43.8783707	3.14E-05	0.00064246
PGSC0003DMG400022344	-9.58035969	3.53994921	43.8360223	3.15E-05	0.00064354
PGSC0003DMG400028049	-3.4680057	2.11867409	43.8324797	3.15E-05	0.00064354
PGSC0003DMG400026986	2.21388275	1.69102015	43.7360762	3.19E-05	0.00064942
PGSC0003DMG400018631	-9.23126191	-0.03518151	79.6454528	3.20E-05	0.00065082
PGSC0003DMG400025593	8.30132531	-0.75399464	79.0500172	3.28E-05	0.00066199
PGSC0003DMG400022822	-6.69880276	-0.35197301	43.3800214	3.31E-05	0.00066609
PGSC0003DMG400022961	-6.8046248	-0.24500041	54.3831275	3.33E-05	0.00066852
PGSC0003DMG400017508	2.06857935	6.48451069	43.3072107	3.33E-05	0.00066905
PGSC0003DMG400013009	2.14450603	4.33884348	43.2507903	3.35E-05	0.00067238
PGSC0003DMG400013171	4.02481484	1.57864987	43.2328659	3.36E-05	0.00067244
PGSC0003DMG400032516	-6.41029318	0.00829626	54.2355699	3.36E-05	0.00067244
PGSC0003DMG400001934	2.57160775	6.10394819	43.2003889	3.37E-05	0.00067244
PGSC0003DMG400011933	-2.31917769	2.32181418	43.1775719	3.38E-05	0.00067244
PGSC0003DMG400012527	4.56017426	0.01260223	43.1600719	3.39E-05	0.00067244
PGSC0003DMG400020809	-6.45104189	2.70929153	43.0781905	3.42E-05	0.00067638
PGSC0003DMG400022396	-3.25797173	3.52093497	43.0613719	3.42E-05	0.00067638
PGSC0003DMG400030140	5.69574554	0.7610926	53.9963178	3.42E-05	0.00067638
PGSC0003DMG400034588	-8.30600823	-0.87596398	78.0203775	3.43E-05	0.00067638
PGSC0003DMG400004109	2.80499883	3.16199074	43.0099478	3.44E-05	0.00067729
PGSC0003DMG400026300	-8.63084607	4.16137405	42.9823865	3.45E-05	0.00067799
PGSC0003DMG401022140	2.53476423	3.14437573	42.9633428	3.46E-05	0.00067799
PGSC0003DMG400042108	-4.65995335	3.04098046	42.7848518	3.52E-05	0.00068648
PGSC0003DMG400015307	-5.4453151	-0.27927833	42.3044296	3.71E-05	0.00071547
PGSC0003DMG400041652	-7.61682328	3.35265961	42.2421725	3.74E-05	0.00071791
PGSC0003DMG400020909	-2.32749681	4.05797939	42.2421411	3.74E-05	0.00071791
PGSC0003DMG400010984	-7.96217977	-0.76859576	76.0653001	3.74E-05	0.00071791
PGSC0003DMG400022749	-5.73814502	0.7943573	42.1650832	3.77E-05	0.00072095
PGSC0003DMG400014055	-2.77813309	2.76377399	42.163938	3.77E-05	0.00072095
PGSC0003DMG400001845	8.40400628	0.16855513	52.7361155	3.77E-05	0.00072095
PGSC0003DMG400003146	2.77119316	1.28903298	42.0919768	3.80E-05	0.00072536
PGSC0003DMG400002288	2.7756203	1.73638063	42.0300681	3.82E-05	0.00072743
PGSC0003DMG400013744	-2.27039403	4.76214548	42.006862	3.83E-05	0.00072743
PGSC0003DMG400024377	-4.2323802	1.21537288	41.9703372	3.85E-05	0.00072961
PGSC0003DMG400039214	-3.61662693	5.34060693	41.7369343	3.95E-05	0.00074338
PGSC0003DMG400017286	-4.87316876	1.597971	41.6836762	3.97E-05	0.00074628
PGSC0003DMG402008965	4.50508861	2.042253	41.6082638	4.00E-05	0.00075175
PGSC0003DMG400019498	-2.81298962	0.83746392	41.55178	4.03E-05	0.00075481
PGSC0003DMG400017301	3.18215079	4.83289243	41.2595316	4.16E-05	0.00077593
PGSC0003DMG400015104	-5.50257962	0.75684701	41.1957261	4.19E-05	0.00078056

«continuación»

PGSC0003DMG400010464	2.57764741	0.78629151	41.158505	4.21E-05	0.00078222
PGSC0003DMG400035945	9.25406003	-0.44899674	73.4565905	4.21E-05	0.00078222
PGSC0003DMG400021880	-8.95159853	-0.49742101	73.3986797	4.22E-05	0.00078305
PGSC0003DMG400030470	-3.63658894	1.59428668	40.9375534	4.31E-05	0.00079421
PGSC0003DMG400027225	3.30247853	5.74449247	40.8714974	4.34E-05	0.00079784
PGSC0003DMG400037627	-5.03110603	-0.04220135	40.737377	4.41E-05	0.00080676
PGSC0003DMG400027617	3.04310073	4.50377406	40.6587868	4.45E-05	0.00081311
PGSC0003DMG402031520	2.66169517	3.22369012	40.5893914	4.48E-05	0.00081638
ENSRNA049458286	8.55917901	0.67714193	71.8579565	4.54E-05	0.00082403
PGSC0003DMG400007908	2.75410187	4.45412796	40.4616316	4.55E-05	0.00082449
PGSC0003DMG400020969	-8.6415063	-1.05197698	71.7326497	4.56E-05	0.00082576
PGSC0003DMG400018392	3.86911865	2.68727706	40.3725737	4.59E-05	0.00082871
PGSC0003DMG400032498	-3.50652715	4.34041515	40.3191502	4.62E-05	0.00083216
PGSC0003DMG400009117	-2.83909975	3.15209329	40.3035041	4.63E-05	0.00083234
PGSC0003DMG401021549	-2.65645379	6.64295313	40.3007728	4.63E-05	0.00083234
PGSC0003DMG400013879	-4.37481638	6.58701647	40.2879191	4.64E-05	0.00083278
PGSC0003DMG400007960	2.17104217	6.51340654	40.0455715	4.77E-05	0.00085312
PGSC0003DMG400015246	2.11990982	3.120442	39.9150729	4.84E-05	0.00086067
PGSC0003DMG400028837	8.12202775	-0.87105736	70.4968141	4.84E-05	0.00086073
PGSC0003DMG400019883	2.06826661	6.73635377	39.8983217	4.85E-05	0.00086073
PGSC0003DMG400030082	-6.09295391	4.26448006	39.8769798	4.86E-05	0.00086161
PGSC0003DMG400004690	5.70124833	0.6280612	49.5120972	4.86E-05	0.00086161
PGSC0003DMG400007839	-8.55341774	1.36348736	39.8000418	4.90E-05	0.0008633
PGSC0003DMG400007801	-11.247928	1.58699686	70.093994	4.94E-05	0.00086779
PGSC0003DMG401017089	5.34551124	0.31295362	39.7206651	4.94E-05	0.00086779
PGSC0003DMG401013112	-4.14181458	3.05985469	39.7026962	4.95E-05	0.00086779
PGSC0003DMG400024197	-2.06354136	7.1923434	39.6988793	4.96E-05	0.00086779
PGSC0003DMG400012839	4.42254532	8.2024254	39.6700457	4.97E-05	0.00086919
PGSC0003DMG400027191	-9.87283686	-0.02452896	69.7658998	5.01E-05	0.00087566
PGSC0003DMG400014580	2.49645091	3.70819882	39.5476337	5.04E-05	0.00087815
PGSC0003DMG400025546	5.6001111	-0.71137104	39.4180448	5.12E-05	0.00088414
PGSC0003DMG400020791	-9.43123281	0.15976754	69.3150779	5.13E-05	0.00088422
PGSC0003DMG400025209	-2.09746521	2.19570159	39.3237652	5.17E-05	0.00088785
PGSC0003DMG400010231	-2.3163109	4.16494775	39.1633887	5.27E-05	0.00090025
PGSC0003DMG400003907	-3.16615609	-0.13345266	38.9883698	5.38E-05	0.00091389
PGSC0003DMG400031108	8.62200976	-0.38420212	68.3158786	5.38E-05	0.00091389
PGSC0003DMG400008375	2.63258564	1.02654508	38.9723013	5.39E-05	0.00091389
PGSC0003DMG400018509	-2.15259207	4.9951827	38.9660512	5.39E-05	0.00091389
PGSC0003DMG402017241	-4.91903102	1.63550571	38.9110604	5.43E-05	0.00091614
PGSC0003DMG400007181	-5.06971004	2.34295975	38.8512884	5.46E-05	0.00092063
PGSC0003DMG400003057	-8.06909952	5.67841572	38.8306427	5.48E-05	0.00092063
PGSC0003DMG400032483	-2.15024769	0.53583578	38.8240013	5.48E-05	0.00092063
PGSC0003DMG400008309	2.69809687	4.68851825	38.7461213	5.53E-05	0.00092579
PGSC0003DMG400019210	4.60819098	0.69516114	38.7165893	5.55E-05	0.00092818
PGSC0003DMG402019589	-6.90115255	2.30052469	38.7012276	5.56E-05	0.00092904

«continuación»

PGSC0003DMG40002608	-2.13330664	4.33972988	38.6444883	5.60E-05	0.00093198
PGSC0003DMG400013781	-8.38331759	-0.81753331	67.2710291	5.67E-05	0.00093853
PGSC0003DMG400027199	3.11202162	1.94250246	38.5258142	5.67E-05	0.00093853
PGSC0003DMG400007258	-2.17168161	4.61618361	38.4651293	5.71E-05	0.0009439
PGSC0003DMG400016122	2.10029223	4.03837047	38.4399046	5.73E-05	0.00094558
PGSC0003DMG400017096	-2.38656892	5.65104805	38.386204	5.77E-05	0.00094912
PGSC0003DMG400025063	-4.72123678	5.83320902	38.3620944	5.78E-05	0.000951
PGSC0003DMG400020139	-2.16042101	3.45783378	38.3527503	5.79E-05	0.00095124
PGSC0003DMG400013481	2.01087676	4.27134414	38.3427662	5.80E-05	0.00095155
PGSC0003DMG402023052	3.06449669	1.2825954	38.2856461	5.84E-05	0.00095498
PGSC0003DMG402030469	-2.96376074	6.67149066	38.2733544	5.84E-05	0.00095498
PGSC0003DMG400015591	2.25907902	4.37257051	38.2230125	5.88E-05	0.00095853
PGSC0003DMG400020736	-3.87385371	1.43561419	38.206591	5.89E-05	0.00095957
PGSC0003DMG400010186	-7.95414375	-0.70177298	66.4931226	5.90E-05	0.00096016
PGSC0003DMG401027561	8.77832306	-0.3837679	66.4762472	5.90E-05	0.00096017
PGSC0003DMG400013955	8.30245119	-0.77314477	47.1462444	5.91E-05	0.0009611
PGSC0003DMG400029226	-2.53248782	3.31474717	38.1476013	5.93E-05	0.00096302
PGSC0003DMG400016515	2.31658138	5.1897403	38.1197364	5.95E-05	0.00096457
PGSC0003DMG400035573	-2.91401396	3.55051897	38.0867934	5.97E-05	0.00096493
PGSC0003DMG400000547	6.65294532	-0.57830548	38.0814601	5.98E-05	0.00096493
PGSC0003DMG402022215	2.38165842	3.32330632	37.8692241	6.13E-05	0.00098204
PGSC0003DMG400003152	2.71364467	4.40485033	37.7894896	6.19E-05	0.00098648
PGSC0003DMG400005111	-8.06530753	6.78578204	37.7815961	6.19E-05	0.00098659
PGSC0003DMG400029362	-2.30184981	1.86827195	37.7048293	6.25E-05	0.0009919

ANEXO 14: Tabla de 400 Genes Expresados Diferencialmente entre el transcriptoma de *Solanum goniocalix*, Wira Pasña (R) 00 hpi vs Sumaq Perqa (S) 00 hpi con LogFC2, pValue ≤ 0.0001 y FDR < 0.001.

Gene ID	logFC	logCPM	F	PValue	FDR
PGSC0003DMG400006075	5.63811459	6.56345133	669.36345	1.73E-11	2.57E-07
PGSC0003DMG401029613	-5.21442567	4.85489058	620.979822	2.64E-11	2.57E-07
PGSC0003DMG400002221	5.02506247	3.73073588	446.177627	1.68E-10	1.09E-06
PGSC0003DMG400020636	3.57733308	3.65955451	366.334369	5.02E-10	2.24E-06
PGSC0003DMG400003380	-3.88376343	4.92602789	357.191278	5.77E-10	2.24E-06
PGSC0003DMG401030815	5.88812224	3.81554426	326.802332	9.44E-10	3.06E-06
PGSC0003DMG400026863	3.0612699	4.31914802	311.329477	1.23E-09	3.43E-06
PGSC0003DMG400005471	3.71183301	4.64350741	294.645405	1.67E-09	3.97E-06
PGSC0003DMG402017089	-2.63396851	3.6490442	289.591174	1.84E-09	3.97E-06
PGSC0003DMG400013036	14.7735453	5.70161833	1142.55882	2.19E-09	3.98E-06
PGSC0003DMG400015707	2.68243831	3.23783519	276.318872	2.38E-09	3.98E-06
PGSC0003DMG401021841	-8.00201435	3.79876759	274.724006	2.46E-09	3.98E-06
PGSC0003DMG400004599	13.5552876	4.24806792	1082.47014	2.67E-09	3.99E-06
PGSC0003DMG400002871	-10.4382716	3.91488574	256.151451	3.60E-09	4.70E-06
PGSC0003DMG403029631	6.0079877	3.13624222	255.864667	3.63E-09	4.70E-06
PGSC0003DMG400021567	5.4126118	3.92384125	248.409559	4.26E-09	5.18E-06
PGSC0003DMG400016551	-2.4145891	6.42816476	242.098144	4.91E-09	5.62E-06
PGSC0003DMG400029752	-15.9276423	6.03541564	828.303759	7.13E-09	7.71E-06
PGSC0003DMG400001559	-2.91839947	2.81587964	216.184269	9.10E-09	9.32E-06
PGSC0003DMG400007302	-2.09241942	5.27781293	201.316853	1.34E-08	1.20E-05
PGSC0003DMG400024980	-12.9303922	3.05511208	322.226615	1.35E-08	1.20E-05
PGSC0003DMG400000655	-8.20934252	5.14095699	200.71295	1.36E-08	1.20E-05
PGSC0003DMG400028435	5.69604036	1.98920501	195.16873	1.58E-08	1.25E-05
PGSC0003DMG401024222	12.1606789	2.8747529	665.35247	1.59E-08	1.25E-05
PGSC0003DMG400010050	-4.09059354	6.85431163	194.568264	1.61E-08	1.25E-05
PGSC0003DMG400004597	3.00169711	4.15243605	192.995404	1.68E-08	1.26E-05
PGSC0003DMG402009818	-2.063123	4.93621497	190.742916	1.79E-08	1.29E-05
PGSC0003DMG400018290	4.0935165	3.3640866	186.95434	2.00E-08	1.39E-05
PGSC0003DMG400004683	12.5458521	3.06456022	615.519908	2.12E-08	1.42E-05
PGSC0003DMG400018462	3.77530418	2.44271404	182.561507	2.27E-08	1.44E-05
PGSC0003DMG400028085	12.0916522	2.92446569	602.683924	2.29E-08	1.44E-05
PGSC0003DMG400022094	9.76737813	4.40108956	284.669549	2.39E-08	1.45E-05
PGSC0003DMG400007679	-2.51401777	5.04223629	178.512142	2.57E-08	1.47E-05
PGSC0003DMG400012950	-3.95297146	3.7737266	176.748883	2.71E-08	1.50E-05
PGSC0003DMG400020377	-6.89808223	3.1012181	175.858098	2.78E-08	1.50E-05
PGSC0003DMG400021289	3.46060941	4.12182758	173.887741	2.95E-08	1.55E-05
PGSC0003DMG400014369	-2.48878399	6.4903654	171.844302	3.15E-08	1.61E-05
PGSC0003DMG400021728	3.33535472	4.13762328	171.00404	3.23E-08	1.61E-05
PGSC0003DMG401007871	2.22718198	4.53365796	166.947679	3.68E-08	1.79E-05
PGSC0003DMG400030581	-3.24016768	2.48092753	163.231857	4.15E-08	1.92E-05
PGSC0003DMG400003342	2.62420219	3.63671385	157.61583	5.00E-08	2.26E-05

«continuación»

PGSC0003DMG400022859	-10.2832575	3.62215214	154.264452	5.61E-08	2.47E-05
PGSC0003DMG400010738	3.80093187	2.54564001	152.331804	6.00E-08	2.49E-05
PGSC0003DMG401031520	-5.44707824	4.37445759	146.171716	7.48E-08	2.82E-05
PGSC0003DMG400013478	-2.58764809	4.98957809	146.147183	7.49E-08	2.82E-05
PGSC0003DMG400005590	-7.5439334	3.06220155	146.119762	7.50E-08	2.82E-05
PGSC0003DMG400025862	2.26663177	6.42128563	145.93271	7.55E-08	2.82E-05
PGSC0003DMG400021875	11.3687483	1.63331037	434.908182	7.55E-08	2.82E-05
PGSC0003DMG400011517	-3.29924799	2.94242761	142.331287	8.62E-08	3.16E-05
PGSC0003DMG400025108	-3.51752783	6.72218393	141.69466	8.83E-08	3.18E-05
PGSC0003DMG400031271	-6.55023756	8.47361711	139.341536	9.65E-08	3.33E-05
PGSC0003DMG400002276	3.86877211	1.82144693	139.201861	9.70E-08	3.33E-05
PGSC0003DMG400031000	2.36669481	7.63925774	139.049966	9.75E-08	3.33E-05
PGSC0003DMG400029750	-9.54391513	3.77063396	138.271531	1.00E-07	3.37E-05
PGSC0003DMG400023485	-10.9589072	1.73882265	395.067398	1.07E-07	3.50E-05
PGSC0003DMG402024222	3.75784644	4.47377798	135.975253	1.10E-07	3.50E-05
PGSC0003DMG400023126	6.71024308	1.65318271	133.2521	1.22E-07	3.83E-05
PGSC0003DMG400008368	-2.14094251	4.84702085	132.124388	1.28E-07	3.89E-05
PGSC0003DMG400022252	-2.57871785	5.57237641	131.017663	1.34E-07	4.00E-05
PGSC0003DMG400024829	2.80529824	3.05319105	130.612678	1.36E-07	4.00E-05
PGSC0003DMG402017380	3.06938997	4.215241	129.264294	1.43E-07	4.17E-05
PGSC0003DMG400031547	-12.1287009	2.64199924	359.700726	1.51E-07	4.31E-05
PGSC0003DMG400023762	-13.0372525	2.90153063	188.533851	1.55E-07	4.36E-05
PGSC0003DMG400017323	8.49687205	1.57911477	126.897859	1.58E-07	4.40E-05
PGSC0003DMG400013161	12.5009187	3.02328993	353.367308	1.61E-07	4.41E-05
PGSC0003DMG400021874	12.7936612	3.54499847	348.035533	1.70E-07	4.47E-05
PGSC0003DMG401015009	3.40575439	1.80485212	124.391844	1.76E-07	4.51E-05
PGSC0003DMG400008596	-8.29478705	1.80749092	124.166405	1.77E-07	4.51E-05
PGSC0003DMG400031303	-7.76601787	2.41283294	124.018584	1.78E-07	4.51E-05
PGSC0003DMG400021985	10.762608	1.37511805	338.539559	1.88E-07	4.69E-05
PGSC0003DMG400009689	-2.1759356	6.42454391	121.301795	2.01E-07	4.88E-05
PGSC0003DMG400018934	-4.39616056	2.80311582	120.85135	2.04E-07	4.91E-05
PGSC0003DMG400014299	6.3449017	3.27518362	119.742841	2.15E-07	5.09E-05
PGSC0003DMG400029132	8.38567329	2.62869404	118.729508	2.24E-07	5.25E-05
PGSC0003DMG400016015	-2.37131221	4.50051109	118.508762	2.27E-07	5.25E-05
PGSC0003DMG400002658	6.72984145	3.15051092	118.043139	2.31E-07	5.27E-05
PGSC0003DMG400027639	-8.83981787	1.52656481	172.065152	2.33E-07	5.27E-05
PGSC0003DMG400014286	10.3646388	1.52848351	318.051615	2.36E-07	5.27E-05
PGSC0003DMG400019774	11.4559672	2.12597538	315.446802	2.43E-07	5.37E-05
PGSC0003DMG400002847	-4.76739075	3.41120504	115.47369	2.60E-07	5.67E-05
PGSC0003DMG400025303	-2.77929101	4.2851415	112.950039	2.91E-07	6.23E-05
PGSC0003DMG400016050	10.1574703	1.05724387	162.759427	2.99E-07	6.32E-05
PGSC0003DMG400023680	-2.06969563	6.01186987	111.621106	3.10E-07	6.48E-05
PGSC0003DMG400017246	-5.81738817	2.53904571	110.158421	3.32E-07	6.82E-05
PGSC0003DMG400014504	2.52045408	3.05509652	110.074151	3.33E-07	6.82E-05
PGSC0003DMG400013210	10.7496936	1.41817042	287.735958	3.39E-07	6.87E-05
PGSC0003DMG400015687	-2.41984037	3.70158261	108.967594	3.51E-07	6.98E-05
PGSC0003DMG400026877	-2.10525345	5.34246486	107.807475	3.71E-07	7.25E-05

«continuación»

PGSC0003DMG400017997	2.61846817	5.18058071	107.718717	3.73E-07	7.25E-05
PGSC0003DMG400006101	-2.17689451	5.92791995	107.122913	3.84E-07	7.35E-05
PGSC0003DMG400007469	-2.172059	3.69830054	107.027734	3.86E-07	7.35E-05
PGSC0003DMG400012466	-2.84802288	4.69450977	105.445635	4.17E-07	7.87E-05
PGSC0003DMG400035643	-2.20685018	6.47422933	105.02263	4.25E-07	7.95E-05
PGSC0003DMG400023288	-3.27601167	3.65362534	104.556552	4.35E-07	8.00E-05
PGSC0003DMG400025547	-11.5993875	2.1117301	268.373438	4.36E-07	8.00E-05
PGSC0003DMG400002427	-4.02517637	4.27267354	102.503374	4.82E-07	8.71E-05
PGSC0003DMG400037701	-10.1953921	1.20663109	257.764766	5.04E-07	8.96E-05
PGSC0003DMG400012398	-4.06815309	1.5800211	101.396051	5.10E-07	8.96E-05
PGSC0003DMG400017974	-2.03527005	3.00619358	101.331744	5.12E-07	8.96E-05
PGSC0003DMG401014189	2.60116252	2.82324273	101.184644	5.16E-07	8.96E-05
PGSC0003DMG400033357	-5.33369621	1.99941769	99.5843272	5.60E-07	9.64E-05
PGSC0003DMG401032501	4.39946789	2.01572017	98.3812473	5.96E-07	0.00010074
PGSC0003DMG400015071	10.1351551	0.90095566	245.887586	5.98E-07	0.00010074
PGSC0003DMG400002408	3.89903771	2.2562951	98.2357964	6.01E-07	0.00010074
PGSC0003DMG400038425	-11.1471722	1.63449522	244.680226	6.09E-07	0.00010105
PGSC0003DMG400027259	7.55586405	2.7172487	97.5074508	6.24E-07	0.00010105
PGSC0003DMG400027852	-3.03356703	3.40991097	97.3592775	6.29E-07	0.00010105
PGSC0003DMG401023369	11.4073206	1.84316434	241.75425	6.36E-07	0.00010105
PGSC0003DMG400029523	12.5242952	2.79043772	241.359433	6.39E-07	0.00010105
PGSC0003DMG400002217	5.57263925	3.35433656	96.7979529	6.48E-07	0.00010105
PGSC0003DMG400028167	2.89018277	4.53255669	96.6830096	6.52E-07	0.00010105
PGSC0003DMG400011670	-10.3941358	1.3533166	239.804477	6.55E-07	0.00010105
PGSC0003DMG400042461	10.4179109	1.08805225	238.99044	6.63E-07	0.00010149
PGSC0003DMG400001430	-4.69443923	4.37302057	96.2238532	6.68E-07	0.00010156
PGSC0003DMG402017239	11.4079646	1.70125842	135.340411	6.79E-07	0.00010243
PGSC0003DMG400035539	11.187521	1.54933472	233.636946	7.19E-07	0.00010676
PGSC0003DMG400017234	-2.87835153	2.80337598	93.8803976	7.59E-07	0.00011178
PGSC0003DMG400015040	11.0652776	1.50220834	229.454559	7.67E-07	0.00011222
PGSC0003DMG400015480	10.5241505	1.12861081	227.910531	7.86E-07	0.00011327
PGSC0003DMG400003084	-2.27213113	4.65034396	92.5667734	8.15E-07	0.00011504
PGSC0003DMG400003345	-5.70735627	2.80675401	92.550043	8.16E-07	0.00011504
PGSC0003DMG400022744	5.98484011	2.31942587	91.6130419	8.60E-07	0.00011946
PGSC0003DMG400013559	-5.24218968	2.97902927	91.0110187	8.89E-07	0.00012115
PGSC0003DMG400027638	-6.88196767	3.88304554	90.4005057	9.20E-07	0.00012433
PGSC0003DMG400004979	-10.881192	1.37240029	216.432548	9.47E-07	0.00012616
PGSC0003DMG400008628	7.73144542	0.56181454	125.499781	9.48E-07	0.00012616
PGSC0003DMG400006722	5.3641667	3.82002525	89.7800141	9.53E-07	0.00012616
PGSC0003DMG400014589	-11.1832759	1.93767181	125.021779	9.64E-07	0.00012669
PGSC0003DMG400014468	-8.51689747	0.95477743	89.3185565	9.79E-07	0.00012778
PGSC0003DMG402025828	4.56507297	1.28138616	88.7206002	1.01E-06	0.00013136
PGSC0003DMG400005666	-3.4450097	2.63044846	88.2373451	1.04E-06	0.00013346
PGSC0003DMG400024363	-3.71855291	2.52194444	88.2156686	1.04E-06	0.00013346
PGSC0003DMG400007741	-2.32114502	4.21365028	87.8645719	1.06E-06	0.00013515
PGSC0003DMG400018169	7.04432438	2.55089325	87.6188633	1.08E-06	0.00013548
PGSC0003DMG400034710	-10.9010651	1.28869656	207.491335	1.10E-06	0.00013711

«continuación»

PGSC0003DMG400014588	9.36059964	0.47410283	120.982987	1.11E-06	0.00013711
PGSC0003DMG400029822	-11.5166982	2.40971654	206.066859	1.13E-06	0.00013814
PGSC0003DMG400000325	-2.44219096	6.68707818	86.250143	1.17E-06	0.00014213
PGSC0003DMG402023368	10.5521221	1.00475532	203.725131	1.18E-06	0.00014213
PGSC0003DMG400023479	10.2270036	0.71817303	203.170482	1.19E-06	0.00014232
PGSC0003DMG400011639	-2.22728623	4.87686457	85.9204717	1.19E-06	0.00014232
PGSC0003DMG400023419	-3.28477737	5.59013577	85.1843165	1.25E-06	0.00014665
PGSC0003DMG401012062	8.39172461	1.11153263	117.81152	1.25E-06	0.00014665
PGSC0003DMG400032496	10.1813815	1.01429116	197.7109	1.31E-06	0.00015166
PGSC0003DMG400042297	-10.46947	1.00325126	196.806691	1.33E-06	0.00015276
PGSC0003DMG400008035	-6.98741776	0.6752423	84.0327057	1.34E-06	0.00015276
PGSC0003DMG400037235	9.46750438	0.02050912	114.937148	1.39E-06	0.00015771
PGSC0003DMG400027530	-11.6204024	1.7308144	193.082851	1.43E-06	0.0001594
PGSC0003DMG400040510	-2.45950845	3.40855414	82.6600393	1.45E-06	0.0001604
PGSC0003DMG400022592	4.77539595	3.50325483	82.4474359	1.47E-06	0.00016158
PGSC0003DMG402030822	2.60567739	6.4993714	82.0407584	1.51E-06	0.00016291
PGSC0003DMG401030805	7.00948783	0.44468609	112.702439	1.52E-06	0.00016331
PGSC0003DMG400024128	2.81279648	1.87638351	81.8220316	1.53E-06	0.00016331
PGSC0003DMG400019604	10.8604527	1.23238596	189.073368	1.54E-06	0.00016338
PGSC0003DMG400007605	6.03106732	1.65913453	81.2552698	1.58E-06	0.00016664
PGSC0003DMG400031156	2.70066857	2.19661085	81.2331311	1.58E-06	0.00016664
PGSC0003DMG400001700	-2.34693788	3.97827275	80.9036019	1.62E-06	0.00016903
PGSC0003DMG400022869	-2.02259261	5.94260129	80.8306503	1.63E-06	0.00016903
PGSC0003DMG401019239	3.98044024	2.4629664	80.2362739	1.69E-06	0.00017269
PGSC0003DMG400031310	-2.76488408	1.50249179	80.0532407	1.71E-06	0.00017378
PGSC0003DMG400000862	3.0810903	1.11856145	79.5491184	1.76E-06	0.00017847
PGSC0003DMG402022579	2.68027802	5.47850526	79.227574	1.80E-06	0.00018121
PGSC0003DMG400024457	2.13186229	3.4592877	78.8372928	1.84E-06	0.00018293
PGSC0003DMG400024432	8.00192396	0.48576085	78.7221555	1.86E-06	0.00018334
PGSC0003DMG400028873	-10.2076479	1.10855388	178.810116	1.88E-06	0.00018435
PGSC0003DMG401015362	-2.20623824	3.58886357	78.3705589	1.90E-06	0.00018563
PGSC0003DMG400012577	-2.2763486	7.71416143	77.988626	1.95E-06	0.00018754
PGSC0003DMG400022070	9.94504425	0.64064597	176.958227	1.95E-06	0.00018754
PGSC0003DMG400045937	-9.73628345	0.51567709	176.125587	1.98E-06	0.00018979
PGSC0003DMG400029474	8.01582611	1.84454557	77.6056785	2.00E-06	0.00019024
PGSC0003DMG400026876	-2.7870695	3.18317646	77.2952232	2.04E-06	0.00019053
PGSC0003DMG400005577	-2.70494655	2.12723971	77.2775697	2.04E-06	0.00019053
PGSC0003DMG400025772	-3.91705302	2.98175422	77.2415587	2.04E-06	0.00019053
PGSC0003DMG400029852	-3.56477831	2.14853541	77.2028976	2.05E-06	0.00019053
PGSC0003DMG401032256	6.59876905	0.29476199	77.1358761	2.06E-06	0.00019053
PGSC0003DMG400037460	3.18881297	2.70680534	77.0133529	2.07E-06	0.00019115
PGSC0003DMG400009638	-2.03062638	3.84110802	76.6281858	2.13E-06	0.00019485
PGSC0003DMG401018257	-10.9004587	0.79514461	172.455879	2.14E-06	0.00019485
PGSC0003DMG400004600	9.96079961	0.84011179	172.26532	2.14E-06	0.00019485
PGSC0003DMG400031279	-10.1521666	0.90005915	171.400802	2.18E-06	0.00019703
PGSC0003DMG400007925	6.4786667	-0.14932796	76.1897989	2.19E-06	0.00019703
PGSC0003DMG400003446	3.77197145	4.44631896	76.1225804	2.20E-06	0.00019703

«continuación»

PGSC0003DMG400007664	-9.54344981	0.39993183	170.319528	2.23E-06	0.00019918
PGSC0003DMG400003095	2.56065391	2.36803196	75.6410577	2.27E-06	0.00020082
PGSC0003DMG400002433	-9.85715216	0.46038609	168.919068	2.30E-06	0.00020143
PGSC0003DMG400024277	-9.25713795	0.43214821	165.578587	2.47E-06	0.00021341
PGSC0003DMG400018822	9.33554563	0.10664684	100.344214	2.52E-06	0.00021688
PGSC0003DMG400027759	-2.94026784	3.13168305	73.761399	2.57E-06	0.00021858
PGSC0003DMG400007870	5.28783967	1.43189161	73.7199586	2.58E-06	0.00021858
PGSC0003DMG400034531	9.71915563	0.30244927	163.256786	2.60E-06	0.00021858
PGSC0003DMG400021749	-10.0631932	0.91311739	160.43071	2.76E-06	0.00022575
PGSC0003DMG400021822	9.45034579	0.1106047	159.075205	2.85E-06	0.00023073
PGSC0003DMG400023826	-2.4231521	2.27491186	71.9695361	2.91E-06	0.00023483
PGSC0003DMG400000996	9.94046355	0.41193153	157.820216	2.93E-06	0.00023536
PGSC0003DMG400036554	-9.48102395	0.64159042	157.497199	2.95E-06	0.0002361
PGSC0003DMG400014657	-2.6210137	7.51329037	71.6342276	2.98E-06	0.00023739
PGSC0003DMG400011033	-2.88921187	5.10469066	71.1960214	3.07E-06	0.00024178
PGSC0003DMG400031277	-10.0090639	0.89430298	154.842088	3.13E-06	0.00024379
PGSC0003DMG400013730	9.89582364	0.48647675	153.604198	3.22E-06	0.00024803
PGSC0003DMG400025470	-3.01633178	5.14746575	70.4587665	3.23E-06	0.00024803
PGSC0003DMG400017240	6.33865503	0.98867848	70.4341712	3.24E-06	0.00024803
PGSC0003DMG400012083	-2.49085347	2.62170297	70.3264508	3.26E-06	0.00024894
PGSC0003DMG400009035	-3.28284	6.69884884	70.0081807	3.34E-06	0.00025068
PGSC0003DMG400018253	-2.99656802	2.54110401	69.738607	3.40E-06	0.00025454
PGSC0003DMG400009169	10.8077836	1.13590933	150.608761	3.46E-06	0.00025766
PGSC0003DMG400026289	-2.24711908	4.88167511	69.34978	3.50E-06	0.00025871
PGSC0003DMG400027929	3.88564191	0.23643375	69.1396705	3.55E-06	0.00026065
PGSC0003DMG400029129	9.91611224	0.24742642	149.212491	3.57E-06	0.00026078
PGSC0003DMG400013090	3.91665323	2.97304805	68.9421227	3.60E-06	0.00026078
PGSC0003DMG400032590	-3.02064397	1.0641677	68.9240177	3.61E-06	0.00026078
PGSC0003DMG400000511	-2.48628615	6.25136092	68.5648471	3.70E-06	0.00026466
PGSC0003DMG400007876	-4.34971166	3.27506077	68.0954916	3.83E-06	0.00027181
PGSC0003DMG400007666	-9.58528782	0.34260646	145.591654	3.90E-06	0.00027475
PGSC0003DMG400022608	-2.03837904	5.28597457	67.6864806	3.94E-06	0.000276
PGSC0003DMG400016067	7.93419421	0.47614161	90.3140579	3.97E-06	0.00027679
PGSC0003DMG400016904	9.30778789	0.1679665	89.9039981	4.05E-06	0.00028025
PGSC0003DMG400019080	5.22885104	1.99153177	67.196513	4.09E-06	0.00028198
PGSC0003DMG400034093	-9.35128528	0.63020994	143.509566	4.10E-06	0.00028198
PGSC0003DMG400031019	-2.75902721	3.51325153	66.9547788	4.16E-06	0.000285
PGSC0003DMG400023949	-3.61917355	3.85025026	66.8669552	4.19E-06	0.000285
PGSC0003DMG400011141	3.09221691	3.04614267	66.6623761	4.25E-06	0.00028824
PGSC0003DMG402012062	10.0870766	0.91031365	141.657592	4.30E-06	0.00028912
PGSC0003DMG400024097	-2.21473699	3.33628809	66.3853681	4.34E-06	0.00029117
PGSC0003DMG400024786	-10.4698339	0.41109696	139.177787	4.57E-06	0.0003015
PGSC0003DMG400010320	-2.72191325	1.65678823	65.460652	4.65E-06	0.00030567
PGSC0003DMG400022069	-9.32391956	0.12262027	137.222138	4.81E-06	0.00031302
PGSC0003DMG400026434	-3.97223582	0.49621105	65.0112816	4.81E-06	0.00031302
PGSC0003DMG400018635	-2.45596645	8.27762383	64.9031866	4.85E-06	0.0003135
PGSC0003DMG400021783	-3.97588667	3.00090847	64.5746586	4.97E-06	0.00032034

«continuación»

PGSC0003DMG400014384	-2.59302065	2.23858218	64.5146098	5.00E-06	0.00032075
PGSC0003DMG402017241	6.56354965	1.63550571	64.0768466	5.17E-06	0.00033055
PGSC0003DMG400010464	-3.37523721	0.78629151	63.9581279	5.21E-06	0.00033139
PGSC0003DMG400018417	-2.76937625	1.92089793	63.8385375	5.26E-06	0.00033336
PGSC0003DMG400031548	-5.23493934	2.66229779	63.6116436	5.35E-06	0.00033813
PGSC0003DMG400010923	-3.86691966	2.29329263	63.4762786	5.41E-06	0.00033947
PGSC0003DMG400018264	3.58627472	2.75804878	63.1556812	5.55E-06	0.00034687
PGSC0003DMG400003812	-2.79104246	3.26015097	62.9100052	5.65E-06	0.00034977
PGSC0003DMG400043830	-5.35532211	1.29559353	62.7618708	5.72E-06	0.00035199
PGSC0003DMG400006632	9.45062973	-0.18424903	130.447539	5.75E-06	0.00035268
PGSC0003DMG400017185	9.43371411	-0.17081277	82.7490597	5.77E-06	0.00035318
PGSC0003DMG400016045	9.85172744	0.53628788	129.873331	5.84E-06	0.00035485
PGSC0003DMG400001546	-2.0116134	3.67378065	62.0042257	6.07E-06	0.00036593
PGSC0003DMG400016324	-2.51620162	3.18263684	61.9555598	6.09E-06	0.00036593
PGSC0003DMG400031274	-9.47391914	0.73535308	128.291782	6.10E-06	0.00036593
PGSC0003DMG400019558	-9.93845298	0.71850556	127.311179	6.26E-06	0.0003725
PGSC0003DMG401025785	9.45705909	-0.11471228	126.554589	6.39E-06	0.00037694
PGSC0003DMG400009837	-3.09864509	3.3446905	61.2516478	6.44E-06	0.00037733
PGSC0003DMG400017452	9.48746094	0.2131028	125.970956	6.50E-06	0.00037854
PGSC0003DMG400031267	-8.97660459	0.00931055	125.629504	6.56E-06	0.00037869
PGSC0003DMG400037923	9.43723691	0.01269972	125.606121	6.57E-06	0.00037869
PGSC0003DMG400026188	-3.62845922	3.09059708	60.9816567	6.58E-06	0.00037869
PGSC0003DMG400013109	-3.56538123	1.16636981	60.7420007	6.71E-06	0.00038489
PGSC0003DMG400033641	2.797599	4.97299529	60.6335508	6.77E-06	0.00038711
PGSC0003DMG400014770	-2.52484919	4.56472263	60.3558055	6.92E-06	0.00039353
PGSC0003DMG400011355	-2.63866609	3.53891092	60.1864331	7.01E-06	0.00039689
PGSC0003DMG400031850	6.36993126	1.35455538	60.1783588	7.02E-06	0.00039689
PGSC0003DMG400016650	2.8524514	4.81189579	60.1328685	7.04E-06	0.00039719
PGSC0003DMG400012527	-6.11543569	0.01260223	60.0759271	7.08E-06	0.00039787
PGSC0003DMG400040013	-9.9918506	0.64534857	122.4464	7.18E-06	0.0003998
PGSC0003DMG400004564	4.25222141	0.61498194	59.7937577	7.24E-06	0.00040128
PGSC0003DMG400002288	-3.45550984	1.73638063	59.7038878	7.29E-06	0.00040307
PGSC0003DMG400004109	-3.39240568	3.16199074	58.9787381	7.74E-06	0.00042288
PGSC0003DMG400002835	2.46106567	4.87463157	58.7044744	7.92E-06	0.00043012
PGSC0003DMG400005961	3.14324212	1.25755075	58.6394542	7.96E-06	0.00043086
PGSC0003DMG400003811	9.6372524	0.27957885	76.6447454	8.00E-06	0.00043086
PGSC0003DMG400033348	7.1881782	1.22839374	58.4910823	8.06E-06	0.00043175
PGSC0003DMG400024120	-3.28809896	6.74443964	58.2530423	8.22E-06	0.00043909
PGSC0003DMG400031423	3.07079364	3.97152245	58.0162476	8.38E-06	0.00044412
PGSC0003DMG400021726	-2.30341944	2.52482363	57.9862249	8.40E-06	0.00044412
PGSC0003DMG400024364	-9.3278979	-0.09373458	116.434841	8.57E-06	0.00044999
PGSC0003DMG400007960	-2.65867883	6.51340654	57.7317803	8.58E-06	0.00044999
PGSC0003DMG400005098	8.91025025	-0.45210169	116.042283	8.67E-06	0.00045345
PGSC0003DMG400024749	-2.27210474	5.94720757	57.2139166	8.96E-06	0.00046623
PGSC0003DMG400019210	-6.54308017	0.69516114	57.1288304	9.03E-06	0.00046833
PGSC0003DMG400002296	-3.79188417	0.78067684	57.0942605	9.06E-06	0.00046845
PGSC0003DMG400030140	-9.79630441	0.7610926	74.0375362	9.26E-06	0.00047629

«continuación»

PGSC0003DMG400019267	-2.31244186	4.07893147	56.7696706	9.31E-06	0.00047638
PGSC0003DMG402007888	8.74210451	0.02143746	113.249232	9.44E-06	0.00048091
PGSC0003DMG400007755	-9.91966627	0.76833846	112.715335	9.60E-06	0.00048726
PGSC0003DMG401030580	-5.64816063	0.91340063	56.2364327	9.74E-06	0.00048957
PGSC0003DMG400030804	2.00397249	5.08233613	56.0424656	9.90E-06	0.00049639
PGSC0003DMG402028118	-9.76043115	0.53251881	111.56546	9.95E-06	0.00049639
PGSC0003DMG403029613	-9.57100858	0.22880972	110.693013	1.02E-05	0.0005076
PGSC0003DMG400031032	-10.2140055	0.7754444	110.514008	1.03E-05	0.00050901
PGSC0003DMG400030663	-2.85818434	5.88814258	55.5489697	1.03E-05	0.00050901
PGSC0003DMG400002213	10.3946792	1.03597046	72.1221101	1.03E-05	0.00050901
PGSC0003DMG401013613	7.0108935	-0.46425859	71.929366	1.05E-05	0.0005108
PGSC0003DMG402032256	9.57922322	0.45386245	110.002548	1.05E-05	0.0005108
PGSC0003DMG400031758	-3.03673666	2.03224198	55.3887735	1.05E-05	0.0005108
PGSC0003DMG400019773	11.9254289	2.20812044	71.8133865	1.05E-05	0.0005118
PGSC0003DMG400021247	4.59850353	3.76260385	55.2177884	1.06E-05	0.00051506
PGSC0003DMG400004420	-9.55993284	0.37437607	109.264058	1.07E-05	0.0005154
PGSC0003DMG400004465	-8.75589742	-0.18885677	108.595144	1.09E-05	0.00052141
PGSC0003DMG400028254	-8.81181943	0.09775638	70.9207254	1.11E-05	0.00052627
PGSC0003DMG400030220	-2.19992675	5.92867935	54.6442275	1.12E-05	0.00052914
PGSC0003DMG400017550	-2.40400591	4.75419598	54.5288167	1.13E-05	0.00052952
PGSC0003DMG400026063	-10.3541132	0.95914719	107.590681	1.13E-05	0.00052952
PGSC0003DMG400026359	-2.00279871	5.84232298	54.3802056	1.14E-05	0.00053266
PGSC0003DMG401017089	-7.60995469	0.31295362	54.3763473	1.14E-05	0.00053266
PGSC0003DMG400021397	-10.5337518	1.05526943	106.87011	1.16E-05	0.00053691
PGSC0003DMG400004690	-10.0338836	0.6280612	70.0888048	1.17E-05	0.00053982
PGSC0003DMG400029504	2.96276655	2.57283951	53.8891883	1.19E-05	0.00055082
PGSC0003DMG400006726	3.89324139	0.48594284	53.8200503	1.20E-05	0.0005529
PGSC0003DMG400015413	-4.39723665	2.90582968	53.7329478	1.21E-05	0.00055588
PGSC0003DMG400002275	4.04561058	0.27370137	53.6797649	1.22E-05	0.00055636
PGSC0003DMG400024134	10.4580087	1.12453914	105.254779	1.22E-05	0.00055636
PGSC0003DMG400022888	-2.00430774	5.94673409	53.64402	1.22E-05	0.00055636
PGSC0003DMG400012502	-3.65656179	1.00966802	53.559614	1.23E-05	0.00055794
PGSC0003DMG400031278	-8.67944802	-0.19144121	104.627486	1.25E-05	0.00056201
PGSC0003DMG400026750	-2.56493104	5.49960033	52.8737841	1.31E-05	0.00058419
PGSC0003DMG400013009	-2.39848623	4.33884348	52.8663064	1.31E-05	0.00058419
PGSC0003DMG400031420	-2.29191445	6.9610225	52.7264184	1.33E-05	0.00059025
PGSC0003DMG400015355	-3.00380863	1.37068768	52.6364211	1.34E-05	0.00059236
PGSC0003DMG400015342	2.54029939	7.20073229	52.6037377	1.34E-05	0.00059277
PGSC0003DMG402023052	-3.76764855	1.2825954	52.462779	1.36E-05	0.00059632
PGSC0003DMG400022818	3.23311885	2.96899002	52.3869853	1.37E-05	0.00059909
PGSC0003DMG402018777	-2.01496174	7.55605313	51.8787949	1.43E-05	0.0006236
PGSC0003DMG400015727	-9.17949728	0.05825916	100.250437	1.44E-05	0.00062425
PGSC0003DMG400020898	3.48056394	0.99541483	51.7647875	1.45E-05	0.00062425
PGSC0003DMG400028185	-2.4691648	3.26057733	51.6574093	1.46E-05	0.00062904
PGSC0003DMG400015878	-3.53684022	-0.57644153	51.5256782	1.48E-05	0.00063488

«continuación»

PGSC0003DMG400016372	6.70934228	0.69064079	66.1757536	1.48E-05	0.00063488
PGSC0003DMG400007271	2.98127789	1.54022383	51.1923696	1.53E-05	0.00064237
PGSC0003DMG400026411	-2.75153165	1.24924278	51.1919617	1.53E-05	0.00064237
PGSC0003DMG400023764	-3.40361151	4.81378177	51.1832772	1.53E-05	0.00064237
PGSC0003DMG400025686	-3.35223174	2.04542989	51.1698265	1.53E-05	0.00064237
PGSC0003DMG400008166	-3.96905258	2.77584413	50.9785041	1.56E-05	0.00064998
PGSC0003DMG400029246	-2.10036121	1.98715479	50.9729224	1.56E-05	0.00064998
PGSC0003DMG400008593	-4.25622455	2.24088258	50.885515	1.57E-05	0.00065248
PGSC0003DMG400025418	-9.26075937	0.4828664	97.7948285	1.57E-05	0.00065318
PGSC0003DMG400001074	-2.31032118	3.73375022	50.7997623	1.58E-05	0.00065491
PGSC0003DMG400013975	-2.93850755	4.6999409	50.6968912	1.60E-05	0.00065982
PGSC0003DMG400010984	8.82920319	-0.76859576	97.1865851	1.61E-05	0.00066323
PGSC0003DMG401022708	3.45268374	-0.03192776	50.5656833	1.62E-05	0.00066514
PGSC0003DMG400000718	2.5999924	2.8050572	50.5001287	1.63E-05	0.00066641
PGSC0003DMG400018713	3.76537259	1.31378861	50.3818123	1.65E-05	0.00066911
PGSC0003DMG400031541	-9.34402645	-0.04273213	96.4297504	1.65E-05	0.00066996
PGSC0003DMG400026566	-2.44113101	2.66062175	50.0423876	1.70E-05	0.00068
PGSC0003DMG400037309	8.73245944	-0.44325255	95.519329	1.71E-05	0.00068026
PGSC0003DMG400022699	-2.03744707	2.75864803	49.9725337	1.71E-05	0.00068026
PGSC0003DMG400024287	-9.02326775	-0.33957901	95.2607168	1.72E-05	0.00068477
PGSC0003DMG400027455	8.87857138	1.27861259	63.7269955	1.73E-05	0.00068656
PGSC0003DMG400001615	2.90057975	1.33281739	49.8104028	1.74E-05	0.00068656
PGSC0003DMG400015132	3.57533437	1.96071299	49.7056256	1.75E-05	0.00069094
PGSC0003DMG400024243	-2.90349317	1.62303173	49.7006006	1.75E-05	0.00069094
PGSC0003DMG400011724	-8.10125983	-0.04568262	94.2647773	1.79E-05	0.00070015
PGSC0003DMG400016257	-2.79649243	4.53986374	49.4450265	1.80E-05	0.00070052
PGSC0003DMG400007639	6.54650442	3.48160958	49.1317926	1.85E-05	0.00071782
PGSC0003DMG400001172	8.49245322	-0.63810057	92.7728598	1.89E-05	0.00072639
PGSC0003DMG400030210	2.32728912	3.29744326	48.8843927	1.90E-05	0.00072639
PGSC0003DMG400002886	-9.25761922	0.84835823	91.9396203	1.95E-05	0.00074096
PGSC0003DMG400001203	3.69394952	1.09149718	48.511865	1.97E-05	0.00074564
PGSC0003DMG400047102	9.29177757	0.08852779	90.9732836	2.02E-05	0.00076255
PGSC0003DMG400021690	2.36399037	2.08999898	48.0693502	2.05E-05	0.00077238
PGSC0003DMG400001269	-3.66509802	1.15889857	48.0450358	2.06E-05	0.00077272
PGSC0003DMG400029128	4.19548051	1.81400688	47.9696272	2.07E-05	0.00077693
PGSC0003DMG400022170	4.27408618	1.80354661	47.7342509	2.12E-05	0.00079199
PGSC0003DMG400007389	-2.33594364	3.18142393	47.6844714	2.13E-05	0.00079435
PGSC0003DMG400010807	6.41299979	-0.07176987	47.5269649	2.16E-05	0.00080217
PGSC0003DMG400026892	-2.19334964	1.5700565	47.4711682	2.18E-05	0.00080502
PGSC0003DMG400000771	-2.73972111	1.76925414	47.2846223	2.22E-05	0.00081533
PGSC0003DMG401013738	-9.19850605	0.01591353	88.4572582	2.23E-05	0.00081669
PGSC0003DMG400004667	-2.00955334	6.44520118	47.1631389	2.24E-05	0.00081917
PGSC0003DMG400000408	4.19736432	3.84651816	47.1570926	2.25E-05	0.00081917
PGSC0003DMG400014644	-10.0636616	0.75979549	88.2231924	2.25E-05	0.00081917
PGSC0003DMG400020391	-5.32405433	4.1798844	47.0788044	2.26E-05	0.00082085
PGSC0003DMG400010186	8.95528752	-0.70177298	88.0274022	2.27E-05	0.00082085

«continuación»

PGSC0003DMG400016931	2.11223289	2.14483651	47.0386963	2.27E-05	0.00082147
PGSC0003DMG400011445	8.88663166	-0.71633468	59.5090842	2.30E-05	0.00082885
PGSC0003DMG400015123	-9.7998929	0.40056929	87.4812968	2.32E-05	0.00083128
PGSC0003DMG400012074	8.80909529	-0.40375662	87.4697121	2.32E-05	0.00083128
PGSC0003DMG400030994	-3.07111558	3.86773732	46.7416682	2.34E-05	0.00083587
PGSC0003DMG400021956	8.57318515	-0.37315286	87.1902006	2.34E-05	0.00083587
PGSC0003DMG400013018	2.52003076	2.83143395	46.4504215	2.41E-05	0.00085214
PGSC0003DMG400020376	-3.49157347	1.87614062	46.3561144	2.43E-05	0.00085869
PGSC0003DMG400033160	-2.62887231	1.6433679	46.2643041	2.45E-05	0.00086509
PGSC0003DMG400013225	-9.11022903	0.02586669	85.571564	2.50E-05	0.00087866
PGSC0003DMG402031520	-2.87027645	3.22369012	45.9997952	2.52E-05	0.00088528
PGSC0003DMG400033643	4.13205408	2.22986737	45.9416342	2.54E-05	0.0008887
PGSC0003DMG402019255	-3.17049158	5.1770045	45.8559443	2.56E-05	0.00089343
PGSC0003DMG400027225	-3.53779368	5.74449247	45.7933491	2.57E-05	0.00089623
PGSC0003DMG400033340	5.10340827	0.83558639	45.758412	2.58E-05	0.00089748
PGSC0003DMG400040729	-3.60949312	1.99152868	45.6385317	2.62E-05	0.00090377
PGSC0003DMG400021574	-2.32728404	6.16571616	45.5317169	2.64E-05	0.0009087
PGSC0003DMG400032516	6.61493865	0.00829626	57.4896188	2.65E-05	0.00090966
PGSC0003DMG400020153	2.49493438	1.5654215	45.423693	2.67E-05	0.00091554
PGSC0003DMG401033165	-8.9102528	-0.60579595	83.7626676	2.69E-05	0.0009174
PGSC0003DMG402016602	8.20515592	1.01623867	83.3749338	2.73E-05	0.00093003
PGSC0003DMG400020588	-6.34041588	0.42590914	45.2017132	2.73E-05	0.00093003
PGSC0003DMG401026585	-9.22198906	-0.16426383	83.1435816	2.76E-05	0.0009345
PGSC0003DMG400008245	9.74951783	-0.09267676	56.8313389	2.78E-05	0.00094032
PGSC0003DMG400017640	2.44361291	6.0868917	44.8432	2.84E-05	0.00095498
PGSC0003DMG400004730	8.86391684	-0.23310312	82.0785077	2.88E-05	0.00096169
PGSC0003DMG402002919	-2.63449136	1.75246414	44.6327138	2.90E-05	0.00096541
PGSC0003DMG400024677	-3.61222379	-0.53481521	44.6208201	2.90E-05	0.00096541
PGSC0003DMG400010231	2.4859609	4.16494775	44.5653282	2.92E-05	0.00096778
PGSC0003DMG400029801	5.8951502	0.04911275	44.3599607	2.98E-05	0.00098531
PGSC0003DMG400031515	6.89955406	3.55688838	55.646551	3.03E-05	0.00099377
PGSC0003DMG400015793	3.12980186	1.51841749	44.1532848	3.05E-05	0.00099818
PGSC0003DMG402013738	-9.00963051	-0.32781136	80.7098959	3.05E-05	0.00099818

ANEXO 15: Tabla de 303 Genes Expresados Diferencialmente en *Solanum goniocalix*, entre Wira Pasña vs Sumaq Perqa 48 hpi con LogFC \geq 2 y FDR $<$ 0.001

Gene ID	logFC	logCPM	F	PValue	FDR
PGSC0003DMG401029613	5.1506032	4.85489058	614.911965	2.79E-11	5.42E-07
PGSC0003DMG400020636	-4.50607452	3.65955451	543.503256	5.57E-11	5.42E-07
PGSC0003DMG400006075	-4.56924251	6.56345133	492.251057	9.69E-11	6.28E-07
PGSC0003DMG400015707	-3.46265411	3.23783519	427.587799	2.12E-10	8.69E-07
PGSC0003DMG400002221	-4.63090883	3.73073588	423.794301	2.23E-10	8.69E-07
PGSC0003DMG400021728	-5.1566446	4.13762328	327.834368	9.27E-10	3.01E-06
PGSC0003DMG400013036	-15.2344493	5.70161833	1279.81503	1.44E-09	3.59E-06
PGSC0003DMG401030815	-5.45378148	3.81554426	292.936173	1.73E-09	3.59E-06
PGSC0003DMG400021567	-6.22003856	3.92384125	287.307354	1.92E-09	3.59E-06
PGSC0003DMG400003380	3.38053025	4.92602789	282.344107	2.11E-09	3.59E-06
PGSC0003DMG400004599	-13.5790403	4.24806792	1151.14613	2.13E-09	3.59E-06
PGSC0003DMG400028435	-7.23502945	1.98920501	279.96227	2.21E-09	3.59E-06
PGSC0003DMG401007871	-2.93592806	4.53365796	274.739605	2.45E-09	3.67E-06
PGSC0003DMG400018290	-4.96520235	3.3640866	256.100166	3.61E-09	5.01E-06
PGSC0003DMG400002871	8.89207823	3.91488574	242.157775	4.90E-09	5.73E-06
PGSC0003DMG400000655	11.6257397	5.14095699	239.052249	5.26E-09	5.73E-06
PGSC0003DMG400012950	4.73126292	3.7737266	237.817844	5.41E-09	5.73E-06
PGSC0003DMG400026863	-2.60671724	4.31914802	236.516229	5.58E-09	5.73E-06
PGSC0003DMG400021882	3.68249822	5.49746962	236.347693	5.60E-09	5.73E-06
PGSC0003DMG401021841	6.35594634	3.79876759	220.631884	8.15E-09	7.92E-06
PGSC0003DMG400022094	-13.7476584	4.40108956	331.280245	1.19E-08	1.07E-05
PGSC0003DMG401024222	-12.2176997	2.8747529	716.523716	1.21E-08	1.07E-05
PGSC0003DMG400029752	14.3959791	6.03541564	691.785948	1.38E-08	1.17E-05
PGSC0003DMG400028085	-12.3728305	2.92446569	674.851109	1.51E-08	1.21E-05
PGSC0003DMG402024222	-4.67998464	4.47377798	195.73144	1.56E-08	1.21E-05
PGSC0003DMG400005590	8.57190882	3.06220155	193.883879	1.64E-08	1.23E-05
PGSC0003DMG400004683	-12.1946079	3.06456022	617.044222	2.10E-08	1.46E-05
PGSC0003DMG400013478	2.93638861	4.98957809	182.124015	2.30E-08	1.54E-05
PGSC0003DMG400011517	3.75134809	2.94242761	180.984306	2.38E-08	1.54E-05
PGSC0003DMG400025108	3.94230637	6.72218393	171.11837	3.22E-08	2.02E-05
PGSC0003DMG400031271	7.4965407	8.47361711	168.024855	3.55E-08	2.14E-05
PGSC0003DMG400023126	-9.14415713	1.65318271	167.368607	3.63E-08	2.14E-05
PGSC0003DMG400024980	8.78725887	3.05511208	235.572084	5.65E-08	3.23E-05
PGSC0003DMG403029631	-4.00695015	3.13624222	146.521559	7.39E-08	4.06E-05
PGSC0003DMG400007066	2.16640248	4.98966333	143.936341	8.12E-08	4.06E-05
PGSC0003DMG400010738	-3.68567085	2.54564001	143.760388	8.17E-08	4.06E-05
PGSC0003DMG400023485	11.1031108	1.73882265	425.307952	8.19E-08	4.06E-05
PGSC0003DMG400040510	3.32077062	3.40855414	143.246136	8.33E-08	4.06E-05
PGSC0003DMG400022859	9.14759455	3.62215214	142.582143	8.54E-08	4.06E-05
PGSC0003DMG400003342	-2.47233699	3.63671385	142.527138	8.56E-08	4.06E-05
PGSC0003DMG400030581	2.91814008	2.48092753	138.60386	9.92E-08	4.46E-05
PGSC0003DMG400014286	-11.1794188	1.52848351	401.864737	1.01E-07	4.46E-05
PGSC0003DMG400017246	6.83888964	2.53904571	137.916239	1.02E-07	4.46E-05

«continuación»

PGSC0003DMG400005471	-2.38420798	4.64350741	137.601103	1.03E-07	4.46E-05
PGSC0003DMG400018462	-3.0503933	2.44271404	133.987354	1.19E-07	4.98E-05
PGSC0003DMG400021875	-10.3303806	1.63331037	380.783753	1.23E-07	4.98E-05
PGSC0003DMG402017380	-3.10995798	4.215241	132.758864	1.25E-07	4.98E-05
PGSC0003DMG400021874	-12.9276098	3.54499847	378.299991	1.25E-07	4.98E-05
PGSC0003DMG400014369	2.1457867	6.4903654	131.068687	1.33E-07	5.01E-05
PGSC0003DMG400008596	8.45116169	1.80749092	129.672798	1.41E-07	5.18E-05
PGSC0003DMG400018253	4.19480309	2.54110401	128.916328	1.46E-07	5.24E-05
PGSC0003DMG400027639	10.7739624	1.52656481	190.287507	1.48E-07	5.25E-05
PGSC0003DMG400002847	5.08159048	3.41120504	127.173067	1.56E-07	5.41E-05
PGSC0003DMG400013161	-12.157024	3.02328993	354.702156	1.59E-07	5.41E-05
PGSC0003DMG400021985	-10.5877422	1.37511805	351.53743	1.64E-07	5.50E-05
PGSC0003DMG400031547	11.7471046	2.64199924	349.672026	1.67E-07	5.51E-05
PGSC0003DMG400021289	-2.82689722	4.12182758	123.73407	1.81E-07	5.86E-05
PGSC0003DMG400020377	4.96108064	3.1012181	122.532777	1.90E-07	6.06E-05
PGSC0003DMG400019774	-11.4154268	2.12597538	335.14669	1.95E-07	6.12E-05
PGSC0003DMG400021726	3.78088073	2.52482363	121.584366	1.98E-07	6.12E-05
PGSC0003DMG400026877	2.23130971	5.34246486	121.013861	2.03E-07	6.17E-05
PGSC0003DMG400003345	7.17512724	2.80675401	119.632128	2.16E-07	6.29E-05
PGSC0003DMG400017323	-8.69268359	1.57911477	119.518427	2.17E-07	6.29E-05
PGSC0003DMG400027638	10.0071105	3.88304554	119.514681	2.17E-07	6.29E-05
PGSC0003DMG400024829	-2.64701711	3.05319105	118.492145	2.27E-07	6.39E-05
PGSC0003DMG400002658	-7.08739094	3.15051092	116.860023	2.44E-07	6.78E-05
PGSC0003DMG400013210	-10.6889498	1.41817042	305.532161	2.73E-07	7.47E-05
PGSC0003DMG400037701	10.7273181	1.20663109	302.200698	2.84E-07	7.56E-05
PGSC0003DMG400024363	4.31831594	2.52194444	112.460857	2.98E-07	7.83E-05
PGSC0003DMG400023826	3.09070323	2.27491186	112.095083	3.03E-07	7.84E-05
PGSC0003DMG400008628	-10.0013666	0.56181454	161.867254	3.06E-07	7.84E-05
PGSC0003DMG400002217	-6.03355842	3.35433656	110.842718	3.21E-07	8.12E-05
PGSC0003DMG400007469	2.20415419	3.69830054	110.225565	3.31E-07	8.25E-05
PGSC0003DMG400003936	2.59692369	7.41615294	109.748557	3.38E-07	8.33E-05
PGSC0003DMG400029750	7.87419116	3.77063396	108.645313	3.57E-07	8.46E-05
PGSC0003DMG400019080	-7.83957476	1.99153177	108.420478	3.60E-07	8.46E-05
PGSC0003DMG400012083	3.12902539	2.62170297	108.383807	3.61E-07	8.46E-05
PGSC0003DMG400014299	-5.6603022	3.27518362	107.925769	3.69E-07	8.55E-05
PGSC0003DMG400016518	-3.53961233	2.21373562	107.095395	3.84E-07	8.79E-05
PGSC0003DMG400011670	10.8435965	1.3533166	275.683127	3.96E-07	8.95E-05
PGSC0003DMG400015071	-10.2489443	0.90095566	271.645678	4.17E-07	9.22E-05
PGSC0003DMG400007870	-6.62213869	1.43189161	105.156518	4.23E-07	9.23E-05
PGSC0003DMG400002408	-3.98728077	2.2562951	103.884262	4.50E-07	9.73E-05
PGSC0003DMG400022744	-7.54674527	2.31942587	103.117024	4.68E-07	9.95E-05
PGSC0003DMG400025547	11.1989806	2.1117301	259.652043	4.91E-07	0.00010167
PGSC0003DMG400026566	3.62599984	2.66062175	101.295405	5.13E-07	0.000105
PGSC0003DMG400042461	-10.3506198	1.08805225	253.916725	5.33E-07	0.00010791
PGSC0003DMG401012062	-10.4529636	1.11153263	141.457694	5.58E-07	0.00011199
PGSC0003DMG400014588	-8.38127084	0.47410283	139.97488	5.85E-07	0.00011471

«continuación»

PGSC0003DMG400003446	-4.41623981	4.44631896	98.584239	5.90E-07	0.00011471
PGSC0003DMG400016517	-2.43972707	2.98306195	98.2115708	6.02E-07	0.00011471
PGSC0003DMG400029132	-6.48927736	2.62869404	97.3681081	6.29E-07	0.00011876
PGSC0003DMG400017234	2.92134017	2.80337598	96.0435547	6.75E-07	0.00012621
PGSC0003DMG400015480	-10.3217203	1.12861081	235.56585	6.98E-07	0.00012808
PGSC0003DMG400038425	10.6697724	1.63449522	232.78509	7.28E-07	0.00013055
PGSC0003DMG400019506	-2.18851234	3.95389391	94.5805569	7.30E-07	0.00013055
PGSC0003DMG401023369	-10.8397691	1.84316434	232.514234	7.32E-07	0.00013055
PGSC0003DMG400029822	11.8850697	2.40971654	230.459351	7.55E-07	0.00013356
PGSC0003DMG400000862	-3.39328549	1.11856145	93.5165495	7.74E-07	0.00013484
PGSC0003DMG402022579	-2.95537892	5.47850526	93.4560961	7.76E-07	0.00013484
PGSC0003DMG400002091	-3.25180172	1.50359372	92.9626613	7.98E-07	0.00013732
PGSC0003DMG400022355	-2.09002264	5.86157676	92.6186203	8.13E-07	0.00013752
PGSC0003DMG400032496	-10.4281057	1.01429116	224.268949	8.33E-07	0.00013969
PGSC0003DMG400015040	-10.4893379	1.50220834	220.084523	8.91E-07	0.00014821
PGSC0003DMG400029474	-8.1039397	1.84454557	90.5252004	9.14E-07	0.00015066
PGSC0003DMG400033357	5.05575713	1.99941769	90.3104801	9.25E-07	0.00015122
PGSC0003DMG400006722	-5.3127438	3.82002525	89.9825321	9.42E-07	0.00015277
PGSC0003DMG400035539	-10.4239257	1.54933472	215.957105	9.54E-07	0.0001534
PGSC0003DMG400029523	-11.5155552	2.79043772	215.115907	9.68E-07	0.00015429
PGSC0003DMG400029362	-3.78207791	1.86827195	88.1972267	1.04E-06	0.0001651
PGSC0003DMG400024277	10.0080758	0.43214821	207.312534	1.10E-06	0.00017334
PGSC0003DMG400021247	-6.191368	3.76260385	86.9884355	1.12E-06	0.00017429
PGSC0003DMG400004979	10.3997567	1.37240029	205.488133	1.14E-06	0.00017609
PGSC0003DMG400026876	2.92807243	3.18317646	86.051169	1.18E-06	0.00018126
PGSC0003DMG400028873	10.5426666	1.10855388	201.31614	1.23E-06	0.00018657
PGSC0003DMG400007925	-7.27838856	-0.14932796	85.1083379	1.25E-06	0.00018873
PGSC0003DMG400004600	-10.2814516	0.84011179	198.920124	1.28E-06	0.00019155
PGSC0003DMG400023479	-9.7558357	0.71817303	198.553583	1.29E-06	0.00019155
PGSC0003DMG402023368	-9.9987743	1.00475532	195.871208	1.35E-06	0.00019693
PGSC0003DMG400036554	10.2246916	0.64159042	195.786083	1.36E-06	0.00019693
PGSC0003DMG400022070	-9.91622285	0.64064597	190.155797	1.51E-06	0.00021614
PGSC0003DMG400013559	4.86810765	2.97902927	82.0015174	1.51E-06	0.00021614
PGSC0003DMG400042297	10.0623135	1.00325126	189.452775	1.53E-06	0.0002162
PGSC0003DMG400045937	9.80964221	0.51567709	188.506129	1.55E-06	0.00021658
PGSC0003DMG400007664	9.75482208	0.39993183	188.333553	1.56E-06	0.00021658
PGSC0003DMG400034710	10.1531958	1.28869656	186.265586	1.62E-06	0.00022138
PGSC0003DMG400007605	-5.36236673	1.65913453	80.8140892	1.63E-06	0.00022138
PGSC0003DMG400034093	10.2763317	0.63020994	186.078398	1.63E-06	0.00022138
PGSC0003DMG401030805	-8.88718937	0.44468609	110.610925	1.65E-06	0.00022278
PGSC0003DMG400006727	3.18270365	4.18358159	80.4438886	1.66E-06	0.00022335
PGSC0003DMG402025828	-4.19144713	1.28138616	79.8367974	1.73E-06	0.00023047
PGSC0003DMG400031279	10.1906342	0.90005915	181.548916	1.78E-06	0.00023215
PGSC0003DMG402016602	-11.1200133	1.01623867	181.445645	1.78E-06	0.00023215
PGSC0003DMG400013346	3.23247376	1.59529597	78.8503417	1.84E-06	0.00023724
PGSC0003DMG400031515	-13.5776845	3.55688838	106.851382	1.92E-06	0.00024377

«continuación»

PGSC0003DMG400021749	10.2932224	0.91311739	177.049443	1.94E-06	0.00024396
PGSC0003DMG400019604	-10.1062549	1.23238596	174.647378	2.04E-06	0.00025289
PGSC0003DMG400027929	-3.90267275	0.23643375	77.0473789	2.07E-06	0.0002547
PGSC0003DMG400016372	-10.3652932	0.69064079	104.783332	2.09E-06	0.00025479
PGSC0003DMG400031277	10.3040196	0.89430298	173.358661	2.10E-06	0.00025479
PGSC0003DMG400006933	2.07921415	3.60404044	76.6680637	2.12E-06	0.00025622
PGSC0003DMG400013109	3.94807799	1.16636981	76.0826202	2.20E-06	0.00026323
PGSC0003DMG401015009	-2.51684846	1.80485212	75.9453355	2.22E-06	0.00026323
PGSC0003DMG400000325	2.28381331	6.68707818	75.9331453	2.23E-06	0.00026323
PGSC0003DMG401032256	-5.71629155	0.29476199	75.6700517	2.26E-06	0.00026379
PGSC0003DMG400016067	-9.63952166	0.47614161	102.67151	2.28E-06	0.00026412
PGSC0003DMG400021822	-9.31348486	0.1106047	167.629657	2.36E-06	0.00027033
PGSC0003DMG400037235	-7.38333241	0.02050912	101.625863	2.38E-06	0.00027128
PGSC0003DMG400022592	-4.40203402	3.50325483	74.6906872	2.42E-06	0.00027198
PGSC0003DMG400002433	9.56277781	0.46038609	166.423643	2.42E-06	0.00027198
PGSC0003DMG400034531	-9.43681299	0.30244927	166.254053	2.43E-06	0.00027198
PGSC0003DMG400005731	2.4258032	5.84514753	74.4683982	2.45E-06	0.00027274
PGSC0003DMG400031274	10.3782087	0.73535308	165.076552	2.50E-06	0.00027579
PGSC0003DMG400031822	-2.58039174	3.69873126	73.6241748	2.60E-06	0.00028547
PGSC0003DMG400029504	-3.54428069	2.57283951	73.0696315	2.70E-06	0.00029478
PGSC0003DMG400021270	-2.42790286	4.75153341	72.8085677	2.75E-06	0.00029842
PGSC0003DMG402012062	-10.3082632	0.91031365	160.039515	2.79E-06	0.0003011
PGSC0003DMG400013730	-9.62929067	0.48647675	156.853753	2.99E-06	0.00032163
PGSC0003DMG401031520	3.37123995	4.37445759	71.1338243	3.08E-06	0.00032776
PGSC0003DMG402017239	-6.84268725	1.70125842	95.5185993	3.12E-06	0.00032943
PGSC0003DMG400011724	9.77455319	-0.04568262	154.843006	3.13E-06	0.00032943
PGSC0003DMG402007888	-9.67474544	0.02143746	154.59788	3.15E-06	0.00032951
PGSC0003DMG400007666	9.59622939	0.34260646	153.850169	3.21E-06	0.00033167
PGSC0003DMG400025444	7.3932812	1.25889548	70.4086641	3.24E-06	0.00033393
PGSC0003DMG400012466	2.27372411	4.69450977	70.195581	3.29E-06	0.00033678
PGSC0003DMG400024432	-6.6729213	0.48576085	69.9474631	3.35E-06	0.00033678
PGSC0003DMG400014468	6.62985532	0.95477743	69.9268264	3.36E-06	0.00033678
PGSC0003DMG400000996	-9.40270785	0.41193153	151.83897	3.36E-06	0.00033678
PGSC0003DMG401022140	3.31215099	3.14437573	69.4620296	3.47E-06	0.00034614
PGSC0003DMG400031267	9.45600579	0.00931055	149.489717	3.55E-06	0.00035231
PGSC0003DMG400018822	-6.94042304	0.10664684	92.3648595	3.60E-06	0.00035547
PGSC0003DMG401022708	-4.5101212	-0.03192776	68.8777064	3.62E-06	0.00035547
PGSC0003DMG400022069	9.39983426	0.12262027	147.616447	3.71E-06	0.00036286
PGSC0003DMG401004946	3.06749364	3.21871109	68.3188664	3.77E-06	0.00036459
PGSC0003DMG400022170	-5.50591577	1.80354661	68.3181436	3.77E-06	0.00036459
PGSC0003DMG400027530	10.0075807	1.7308144	145.122684	3.94E-06	0.00037532
PGSC0003DMG400023762	6.58888993	2.90153063	90.4017242	3.95E-06	0.00037532
PGSC0003DMG400029801	-7.29033368	0.04911275	67.648435	3.96E-06	0.00037532
PGSC0003DMG401032501	-3.47012987	2.01572017	67.57896	3.98E-06	0.0003754
PGSC0003DMG400030470	-5.0187341	1.59428668	67.0016921	4.15E-06	0.00038975
bRA	-2.94450979	3.45783378	66.8218549	4.20E-06	0.00039173

«continuación»

PGSC0003DMG402018777	2.30830184	7.55605313	66.8025487	4.21E-06	0.00039173
PGSC0003DMG400022699	2.35820021	2.75864803	66.6156603	4.27E-06	0.00039529
PGSC0003DMG400033042	-9.39341666	0.55556913	87.9336996	4.45E-06	0.00041046
PGSC0003DMG400016904	-7.13017625	0.1679665	87.527285	4.54E-06	0.00041477
PGSC0003DMG401021681	2.79412271	2.0252757	65.6314816	4.59E-06	0.00041726
PGSC0003DMG400016045	-9.79505196	0.53628788	138.839438	4.61E-06	0.00041726
PGSC0003DMG400010320	2.71708512	1.65678823	64.9829569	4.82E-06	0.00043379
PGSC0003DMG400017452	-9.49178403	0.2131028	136.962804	4.84E-06	0.00043379
PGSC0003DMG400019558	10.0215167	0.71850556	136.312872	4.92E-06	0.00043911
PGSC0003DMG400002276	-2.22368911	1.82144693	64.5124566	5.00E-06	0.00044099
PGSC0003DMG400009169	-9.93322801	1.13590933	135.558631	5.02E-06	0.00044099
PGSC0003DMG400013090	-3.63247838	2.97304805	64.0638692	5.17E-06	0.00045107
PGSC0003DMG400025772	3.52837087	2.98175422	63.2988076	5.48E-06	0.00047629
PGSC0003DMG400002886	10.6421439	0.84835823	131.936722	5.52E-06	0.00047678
PGSC0003DMG400029129	-9.00759817	0.24742642	131.642147	5.57E-06	0.00047693
PGSC0003DMG400004465	9.25093127	-0.18885677	130.579265	5.73E-06	0.00048351
PGSC0003DMG400031303	4.24214476	2.41283294	62.7087272	5.74E-06	0.00048351
PGSC0003DMG400031278	9.29315477	-0.19144121	129.753027	5.86E-06	0.00048888
PGSC0003DMG401013613	-8.61038596	-0.46425859	82.3924349	5.88E-06	0.00048888
PGSC0003DMG400021831	2.16547865	8.09914536	62.0379435	6.05E-06	0.0004988
PGSC0003DMG400029128	-4.77800608	1.81400688	61.5807239	6.27E-06	0.00051443
PGSC0003DMG402015976	3.04710436	0.58900875	61.5220902	6.30E-06	0.00051443
PGSC0003DMG400037923	-9.11753578	0.01269972	126.870339	6.34E-06	0.00051443
PGSC0003DMG402032256	-9.86522	0.45386245	126.824319	6.35E-06	0.00051443
PGSC0003DMG400015872	3.12670148	5.55126106	61.2742867	6.43E-06	0.00051887
PGSC0003DMG400009326	2.15904718	2.32616914	60.9473087	6.60E-06	0.00053037
PGSC0003DMG400021867	-7.98673798	0.88646908	60.8422489	6.65E-06	0.00053265
PGSC0003DMG400007755	10.1450211	0.76833846	124.432239	6.79E-06	0.00054106
PGSC0003DMG400025418	10.0806548	0.4828664	124.280685	6.82E-06	0.00054117
PGSC0003DMG400040013	9.82120356	0.64534857	124.018388	6.87E-06	0.00054299
PGSC0003DMG400026556	2.14475026	2.79584558	59.7633495	7.26E-06	0.00056934
PGSC0003DMG400015307	-7.64989782	-0.27927833	59.583429	7.37E-06	0.00057542
PGSC0003DMG400020153	-2.8643653	1.5654215	59.106008	7.66E-06	0.0005887
PGSC0003DMG400024644	-3.08143016	4.92001634	59.1002272	7.66E-06	0.0005887
PGSC0003DMG400033348	-6.62051214	1.22839374	58.9657477	7.75E-06	0.0005887
PGSC0003DMG400005098	-8.66798601	-0.45210169	119.615485	7.80E-06	0.00059013
PGSC0003DMG400004420	9.70018351	0.37437607	118.897401	7.96E-06	0.00059842
PGSC0003DMG402028118	9.81559837	0.53251881	118.87782	7.97E-06	0.00059842
PGSC0003DMG400001845	9.85675341	0.16855513	75.7087969	8.42E-06	0.00062731
PGSC0003DMG400043507	-3.58939664	2.98428184	57.9182328	8.45E-06	0.00062731
PGSC0003DMG401025785	-8.76470225	-0.11471228	116.779217	8.48E-06	0.00062731
PGSC0003DMG400007271	-3.12550075	1.54022383	57.7634432	8.56E-06	0.0006307
ENSRNA049458286	10.6208897	0.67714193	116.346063	8.59E-06	0.00063074
PGSC0003DMG400014767	3.10114224	4.18016173	57.4924214	8.76E-06	0.00064034
PGSC0003DMG400036825	9.22099741	-0.37158532	74.7593501	8.88E-06	0.00064669
PGSC0003DMG400024005	4.6322825	0.99151352	57.242287	8.94E-06	0.00064669

«continuación»

PGSC0003DMG400018169	-5.26468219	2.55089325	57.2227594	8.96E-06	0.00064669
PGSC0003DMG400006632	-8.5768659	-0.18424903	114.905044	8.98E-06	0.00064669
PGSC0003DMG400025686	3.5705891	2.04542989	56.8837625	9.22E-06	0.0006576
PGSC0003DMG400002427	2.8144661	4.27267354	56.867859	9.23E-06	0.0006576
PGSC0003DMG400010427	-3.21194638	1.46875854	56.8260067	9.26E-06	0.0006576
PGSC0003DMG401014864	-2.85416196	1.95468022	56.5427098	9.49E-06	0.00067118
PGSC0003DMG400010213	-10.0462611	0.90899228	73.4363761	9.58E-06	0.00067512
PGSC0003DMG401017241	2.2399569	4.37543341	56.2573404	9.72E-06	0.00068276
PGSC0003DMG403029613	9.38257566	0.22880972	111.731596	9.90E-06	0.00068565
PGSC0003DMG400024364	8.93175535	-0.09373458	111.706265	9.91E-06	0.00068565
PGSC0003DMG400015727	9.39535692	0.05825916	111.666726	9.92E-06	0.00068565
PGSC0003DMG400032516	-9.16666762	0.00829626	72.8084036	9.93E-06	0.00068565
PGSC0003DMG400017330	2.46659449	2.83537796	55.9993132	9.94E-06	0.00068565
PGSC0003DMG400024134	-10.3759894	1.12453914	111.468641	9.98E-06	0.00068615
PGSC0003DMG400018000	-9.24647419	-0.39635524	111.058426	1.01E-05	0.00069261
PGSC0003DMG400022961	-9.60471475	-0.24500041	72.0669294	1.04E-05	0.00070395
PGSC0003DMG400026872	-3.69557795	2.31597981	55.4897816	1.04E-05	0.00070395
PGSC0003DMG400021956	-9.12595727	-0.37315286	110.055793	1.04E-05	0.00070499
PGSC0003DMG400031521	-2.61330917	2.418925	55.2740521	1.06E-05	0.00071228
PGSC0003DMG400001915	-3.77906573	4.39120321	55.1287882	1.07E-05	0.00071787
PGSC0003DMG400031522	-6.94318967	0.59164836	55.104795	1.07E-05	0.00071787
PGSC0003DMG400037309	-8.86438192	-0.44325255	108.376879	1.10E-05	0.00073241
PGSC0003DMG400005060	3.34156398	0.94403636	54.7715964	1.11E-05	0.00073241
PGSC0003DMG400013120	4.40039661	0.32446296	54.7573892	1.11E-05	0.00073241
PGSC0003DMG400001269	3.9297797	1.15889857	54.6392982	1.12E-05	0.0007331
PGSC0003DMG400001172	-8.68720557	-0.63810057	107.598912	1.13E-05	0.00073722
PGSC0003DMG404008678	3.34764997	1.07717677	54.4502812	1.14E-05	0.00073882
PGSC0003DMG400031032	9.85255246	0.7754444	107.326306	1.14E-05	0.00073882
PGSC0003DMG400026063	10.0986483	0.95914719	106.978535	1.15E-05	0.00074228
PGSC0003DMG400007547	-2.01800599	2.3590038	54.0092957	1.18E-05	0.00075538
PGSC0003DMG400025333	-2.33062337	2.44593693	53.9524854	1.19E-05	0.00075538
PGSC0003DMG400017277	-8.70560573	0.34048468	69.5969369	1.20E-05	0.00076065
PGSC0003DMG400007639	-6.49484993	3.48160958	53.5727608	1.23E-05	0.00077623
PGSC0003DMG400006737	-2.58447473	4.15750278	53.4161045	1.25E-05	0.00078143
PGSC0003DMG401019771	-5.71438497	0.39629739	53.3926817	1.25E-05	0.00078143
PGSC0003DMG400014736	3.31922366	2.97361507	53.3893157	1.25E-05	0.00078143
PGSC0003DMG400005577	2.18708334	2.12723971	53.2028119	1.27E-05	0.00079204
PGSC0003DMG400017508	2.30691952	6.48451069	52.9869833	1.30E-05	0.00080376
PGSC0003DMG402031520	3.08513146	3.22369012	52.9681548	1.30E-05	0.00080376
PGSC0003DMG400037627	-6.21334925	-0.04220135	52.894578	1.31E-05	0.00080409
PGSC0003DMG400003544	-2.7339757	2.12356026	52.8265502	1.31E-05	0.00080409
PGSC0003DMG400031156	-2.10837208	2.19661085	52.8110824	1.32E-05	0.00080409
PGSC0003DMG400014589	4.81601664	1.93767181	68.0250375	1.32E-05	0.00080409
PGSC0003DMG400017240	-5.93191006	0.98867848	52.7190559	1.33E-05	0.00080409
PGSC0003DMG400021397	10.0979563	1.05526943	102.266991	1.35E-05	0.00081195
PGSC0003DMG400047102	-9.42246759	0.08852779	102.025399	1.36E-05	0.00081613

«continuación»

PGSC0003DMG400013171	4.49165274	1.57864987	52.265915	1.38E-05	0.00082496
PGSC0003DMG400006296	-8.97021932	-0.00731257	66.7522967	1.43E-05	0.00084512
PGSC0003DMG400033641	-2.53521904	4.97299529	51.7541909	1.45E-05	0.00084951
PGSC0003DMG400027455	-10.2997593	1.27861259	66.5246821	1.45E-05	0.00084951
PGSC0003DMG400003811	-6.97353872	0.27957885	66.3245671	1.47E-05	0.00085766
PGSC0003DMG400008593	4.53549	2.24088258	51.4972404	1.48E-05	0.0008582
PGSC0003DMG401028834	4.7446567	1.19276858	51.472246	1.49E-05	0.0008582
PGSC0003DMG400040729	3.71277776	1.99152868	51.3575386	1.50E-05	0.00086221
PGSC0003DMG401031172	3.93625038	5.38168773	51.2163516	1.52E-05	0.00087097
PGSC0003DMG400012174	-2.83754198	1.90151223	50.8525101	1.57E-05	0.00089301
PGSC0003DMG400017185	-6.93696141	-0.17081277	65.1039372	1.59E-05	0.000894
PGSC0003DMG400012074	-8.87589388	-0.40375662	97.5221752	1.59E-05	0.000894
PGSC0003DMG400030149	6.08922042	3.56708649	50.682708	1.60E-05	0.00089422
PGSC0003DMG400013225	9.40054383	0.02586669	97.1210547	1.61E-05	0.00089908
PGSC0003DMG400022083	-3.79061254	1.99872248	50.4632241	1.63E-05	0.00090755
PGSC0003DMG400004730	-9.15210504	-0.23310312	96.3613993	1.66E-05	0.00091863
PGSC0003DMG401013738	9.30524558	0.01591353	95.976276	1.68E-05	0.00092358
PGSC0003DMG400040086	8.61393448	-0.73504707	95.6256425	1.70E-05	0.00092893
PGSC0003DMG400010867	3.27159048	0.85287051	49.9026796	1.72E-05	0.00093534
PGSC0003DMG400027614	-5.27767481	1.47850939	49.8256562	1.73E-05	0.00093956
PGSC0003DMG400042128	-8.78638133	-0.70572325	94.9001543	1.75E-05	0.00094437
PGSC0003DMG400001681	-2.49397152	1.51344697	49.672178	1.76E-05	0.00094805
PGSC0003DMG400031541	9.03469202	-0.04273213	94.5660693	1.77E-05	0.00095069
PGSC0003DMG400016023	-8.97485244	-0.44949948	94.016302	1.81E-05	0.0009674
PGSC0003DMG400011989	3.97080541	4.35478646	49.307174	1.82E-05	0.00097344
PGSC0003DMG400009959	-2.50769006	6.74403532	49.1641486	1.85E-05	0.0009807
PGSC0003DMG400024377	-4.65617187	1.21537288	49.1144372	1.86E-05	0.0009807
PGSC0003DMG400031557	-3.7165548	1.9310672	49.112776	1.86E-05	0.0009807
PGSC0003DMG400024287	8.70711275	-0.33957901	93.0970401	1.87E-05	0.00098192
PGSC0003DMG400026864	-4.29487944	0.5836975	48.9858405	1.88E-05	0.00098498

ANEXO 16: GO análisis de los 167 genes DOW expresados en *S. goniocalix*.

GO: Función Molecular Dow DEG

Term name	Term ID	P _{adj}	$-\log_{10}(P_{adj})$
molecular_function	GO:0003674	4.941 × 10 ⁻³²⁴	324
binding	GO:0005488	1.937 × 10 ⁻¹¹	11
catalytic activity	GO:0003824	1.668 × 10 ⁻⁵	5
nucleic acid binding	GO:0003676	1.432 × 10 ⁻⁴	4
protein binding	GO:0005515	7.018 × 10 ⁻³	3
heterocyclic compound binding	GO:1901363	1.427 × 10 ⁻²	2
organic cyclic compound binding	GO:0097159	1.427 × 10 ⁻²	2
hydrolase activity	GO:0016787	1.891 × 10 ⁻²	2
transferase activity	GO:0016740	3.542 × 10 ⁻²	2
DNA binding	GO:0003677	5.999 × 10 ⁻²	2
purine ribonucleoside triphosphate binding	GO:0035639	2.722 × 10 ⁻¹	1
drug binding	GO:0008144	3.687 × 10 ⁻¹	1
cation binding	GO:0043169	4.501 × 10 ⁻¹	1
ion binding	GO:0043167	4.501 × 10 ⁻¹	1
metal ion binding	GO:0046872	4.501 × 10 ⁻¹	1
ATP binding	GO:0005524	4.844 × 10 ⁻¹	1
catalytic activity, acting on a protein	GO:0140096	4.844 × 10 ⁻¹	1
RNA binding	GO:0003723	6.110 × 10 ⁻¹	1
transporter activity	GO:0005215	7.480 × 10 ⁻¹	1
coenzyme binding	GO:0050662	8.013 × 10 ⁻¹	1
transmembrane transporter activity	GO:0022857	8.102 × 10 ⁻¹	1
kinase activity	GO:0016301	9.480 × 10 ⁻¹	1
peptidase activity	GO:0036094	9.480 × 10 ⁻¹	1
small molecule binding	GO:0043168	9.815 × 10 ⁻¹	1
anion binding	GO:0015318	1.000	0
inorganic molecular entity transmembrane transporter...	GO:0008170	1.000	0
N-methyltransferase activity	GO:0008233	1.000	0
peptidase activity	GO:0008233	1.000	0
cysteine-type peptidase activity	GO:0008234	1.000	0
protein methyltransferase activity	GO:0008276	1.000	0
cation transmembrane transporter activity	GO:0008324	1.000	0

GO: Procesos Biológicos Dow DEG

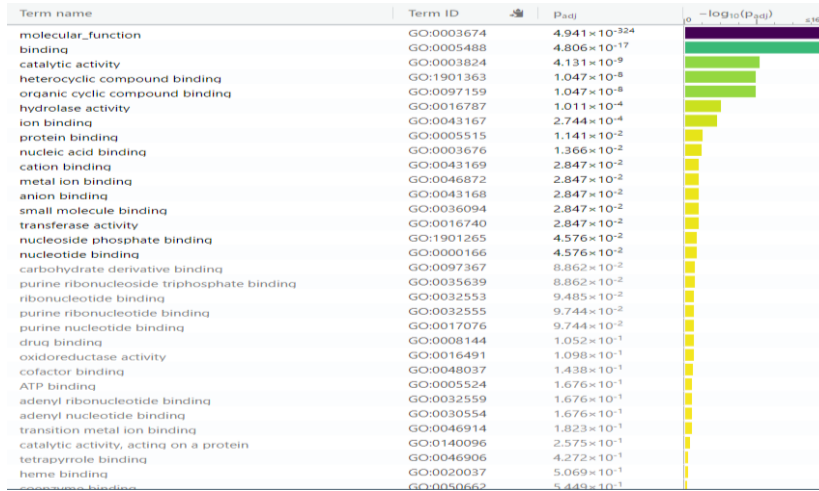
Term name	Term ID	P _{adj}	$-\log_{10}(P_{adj})$
biological_process	GO:0008150	4.941 × 10 ⁻³²⁴	324
metabolic process	GO:0008152	1.006 × 10 ⁻³¹	31
cellular process	GO:0009987	3.537 × 10 ⁻³¹	31
organic substance metabolic process	GO:0071704	1.547 × 10 ⁻²⁶	26
primary metabolic process	GO:0044238	3.490 × 10 ⁻²⁴	24
cellular metabolic process	GO:0044237	4.969 × 10 ⁻²⁴	24
nitrogen compound metabolic process	GO:0006807	2.726 × 10 ⁻¹⁸	18
macromolecule metabolic process	GO:0043170	2.502 × 10 ⁻¹⁵	15
cellular macromolecule metabolic process	GO:0044260	9.836 × 10 ⁻¹²	12
organic cyclic compound metabolic process	GO:1901360	2.598 × 10 ⁻⁹	9
biosynthetic process	GO:0009058	3.163 × 10 ⁻⁹	9
cellular aromatic compound metabolic process	GO:0006725	3.477 × 10 ⁻⁹	9
heterocycle metabolic process	GO:0046483	5.712 × 10 ⁻⁹	9
organic substance biosynthetic process	GO:1901576	1.076 × 10 ⁻⁸	8
cellular biosynthetic process	GO:0044249	1.784 × 10 ⁻⁸	8
cellular nitrogen compound metabolic process	GO:0034641	1.784 × 10 ⁻⁸	8
nucleobase-containing compound metabolic process	GO:0006139	2.628 × 10 ⁻⁸	8
nucleic acid metabolic process	GO:0090304	6.967 × 10 ⁻⁸	8
gene expression	GO:0010467	1.157 × 10 ⁻⁷	7
biological regulation	GO:0065007	1.047 × 10 ⁻⁶	6
macromolecule biosynthetic process	GO:0009059	1.047 × 10 ⁻⁶	6
RNA metabolic process	GO:0016070	1.172 × 10 ⁻⁶	6
cellular macromolecule biosynthetic process	GO:0034645	1.548 × 10 ⁻⁶	6
organonitrogen compound metabolic process	GO:1901564	3.391 × 10 ⁻⁶	6
regulation of gene expression	GO:0010468	3.777 × 10 ⁻⁶	6
organic cyclic compound biosynthetic process	GO:1901362	5.260 × 10 ⁻⁶	6
regulation of biosynthetic process	GO:0009889	6.130 × 10 ⁻⁶	6
regulation of cellular biosynthetic process	GO:0031326	6.258 × 10 ⁻⁶	6
regulation of macromolecule biosynthetic process	GO:0010556	7.419 × 10 ⁻⁶	6
regulation of cellular macromolecule biosynthetic proc...	GO:2000112	8.221 × 10 ⁻⁶	6
aromatic compound biosynthetic process	GO:0019438	8.429 × 10 ⁻⁶	6
regulation of nucleobase-containing compound meta...	GO:0019219	8.429 × 10 ⁻⁶	6
heterocycle biosynthetic process	GO:0018130	8.905 × 10 ⁻⁶	6

GO: Componente Celular Dow DEG

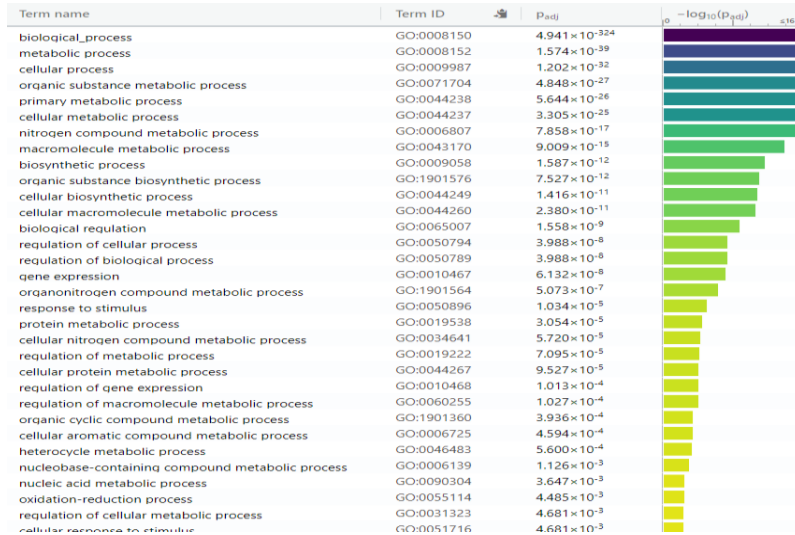
Term name	Term ID	P _{adj}	$-\log_{10}(P_{adj})$
cellular_component	GO:0005575	4.941 × 10 ⁻³²⁴	324
cell	GO:0005623	3.007 × 10 ⁻³¹	31
cell part	GO:0044464	4.410 × 10 ⁻³¹	31
membrane	GO:0016020	4.119 × 10 ⁻³⁰	30
intracellular	GO:0005622	2.178 × 10 ⁻²⁶	26
membrane part	GO:0044425	9.826 × 10 ⁻²⁶	26
intracellular part	GO:0044424	7.445 × 10 ⁻²⁵	25
intrinsic component of membrane	GO:0031224	7.194 × 10 ⁻²⁴	24
integral component of membrane	GO:0016021	8.876 × 10 ⁻²⁴	24
organelle	GO:0043226	5.465 × 10 ⁻²³	23
intracellular organelle	GO:0043229	5.643 × 10 ⁻²³	23
membrane-bounded organelle	GO:0043227	7.734 × 10 ⁻²³	23
intracellular membrane-bounded organelle	GO:0043231	2.425 × 10 ⁻²²	22
nucleus	GO:0005634	1.745 × 10 ⁻¹⁰	10
organelle part	GO:0044422	1.588 × 10 ⁻⁶	6
intracellular organelle part	GO:0044446	1.588 × 10 ⁻⁶	6
cytoplasmic part	GO:0044444	1.048 × 10 ⁻⁴	4
cytoplasm	GO:0005737	1.553 × 10 ⁻⁴	4
protein-containing complex	GO:0032991	5.547 × 10 ⁻³	3
extracellular region	GO:0005576	4.924 × 10 ⁻²	2
nuclear part	GO:0044428	1.596 × 10 ⁻¹	1
cell periphery	GO:0071944	2.687 × 10 ⁻¹	1
intracellular non-membrane-bounded organelle	GO:0043232	2.716 × 10 ⁻¹	1
non-membrane-bounded organelle	GO:0043228	2.716 × 10 ⁻¹	1
catalytic complex	GO:1902494	2.716 × 10 ⁻¹	1
ribonucleoprotein complex	GO:1990904	7.879 × 10 ⁻¹	1
endopeptidase complex	GO:1905369	9.899 × 10 ⁻¹	1
peptidase complex	GO:1905368	9.899 × 10 ⁻¹	1
cytoplasmic region	GO:0099568	9.899 × 10 ⁻¹	1
vesicle tethering complex	GO:0099023	9.899 × 10 ⁻¹	1
cell cortex part	GO:0044448	9.899 × 10 ⁻¹	1
proteasome core complex	GO:0005839	9.899 × 10 ⁻¹	1

ANEXO 17: GO análisis de los 136 genes UP expresados en *S. goniocalix*.

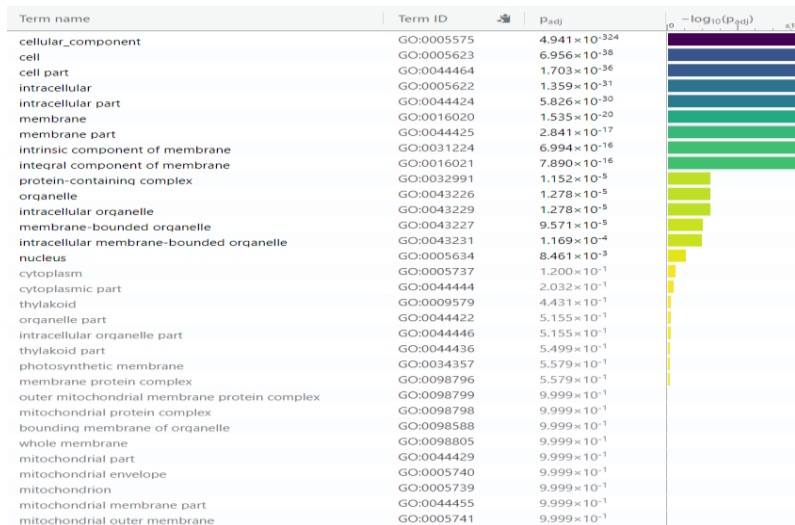
GO: Función Molecular UP DEG



GO: Procesos Biológicos UP DEG



GO: Componente Celular UP DEG



ANEXO 18: Asignación Funcional de 167 DEGs Down de Wira Pasña (*S. goniocalix*) que confieren resistencia a *P. infestans*.

""name""	""description""
""PGSC0003DMG400031156""	""Ankyrin repeat-containing protein [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400031156]""
""PGSC0003DMG400002276""	""Conserved gene of unknown function [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400002276]""
""PGSC0003DMG400005471""	""RLK6-phosphogluconolactonase [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400005471]""
""PGSC0003DMG400003342""	""Cytochrome P450 [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400003342]""
""PGSC0003DMG401015009""	""Conserved gene of unknown function [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG401015009]""
""PGSC0003DMG400033641""	""Multidrug resistance-associated protein 1
""PGSC0003DMG400026863""	""SET domain protein [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400026863]""
""PGSC0003DMG400024829""	""F-box family protein [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400024829]""
""PGSC0003DMG400021289""	""DNA-directed RNA polymerases I
""PGSC0003DMG400020153""	""DENN domain containing protein [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400020153]""
""PGSC0003DMG401007871""	""NBS-LRR protein [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG401007871]""
""PGSC0003DMG402022579""	""Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG402022579]""
""PGSC0003DMG400018462""	""Disease resistance protein [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400018462]""
""PGSC0003DMG402017380""	""NOI [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG402017380]""
""PGSC0003DMG400007271""	""Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400007271]""
""PGSC0003DMG400000862""	""UDP-galactose transporter [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400000862]""
""PGSC0003DMG400015707""	""Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400015707]""
""PGSC0003DMG401032501""	""RWP-RK domain-containing protein [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG401032501]""
""PGSC0003DMG400029504""	""Hero resistance protein [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400029504]""
""PGSC0003DMG400013090""	""Leucine-rich repeat-containing protein [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400013090]""
""PGSC0003DMG400010738""	""E3 ubiquitin ligase [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400010738]""
""PGSC0003DMG400027929""	""Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400027929]""
""PGSC0003DMG400002408""	""26S protease regulatory subunit 6B homolog [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400002408]""
""PGSC0003DMG403029631""	""F-box family protein [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG403029631]""
""PGSC0003DMG402025828""	""Beta-hydroxyisobutyryl-CoA hydrolase 1 [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG402025828]""

«continuación»

""PGSC0003DMG400022592""	""ATP binding protein [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400022592]""
""PGSC0003DMG400003446""	""Undecaprenyl pyrophosphate synthetase [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400003446]""
""PGSC0003DMG400020636""	""60S ribosomal protein L10 [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400020636]""
""PGSC0003DMG401022708""	""Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG401022708]""
""PGSC0003DMG400006075""	""CYP72A56 [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400006075]""
""PGSC0003DMG400002221""	""Deacetylase [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400002221]""
""PGSC0003DMG402024222""	""BRASSINOSTEROID INSENSITIVE 1-associated receptor kinase 1 [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG402024222]""
""PGSC0003DMG400029128""	""Kinase [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400029128]""
""PGSC0003DMG400018290""	""Serine/threonine-protein kinase Haspin [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400018290]""
""PGSC0003DMG400021728""	""Conserved gene of unknown function [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400021728]""
""PGSC0003DMG400018169""	""Cyclin D2.1 protein [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400018169]""
""PGSC0003DMG400006722""	""Conserved gene of unknown function [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400006722]""
""PGSC0003DMG400007605""	""NBS-LRR protein [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400007605]""
""PGSC0003DMG401030815""	""Alcohol dehydrogenase-like 1 [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG401030815]""
""PGSC0003DMG400022170""	""ATNMNAT (A. THALIANA NICOTINATE/NICOTINAMIDE MONONUCLEOTIDE ADENYLTRANSFERASE) [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400022170]""
""PGSC0003DMG400014299""	""40S ribosomal protein S15a-1 [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400014299]""
""PGSC0003DMG401032256""	""RNA-directed DNA polymerase (Reverse transcriptase) [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG401032256]""
""PGSC0003DMG400017240""	""Desacetoxyvindoline 4-hydroxylase [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400017240]""
""PGSC0003DMG400002217""	""NBS-LRR resistance protein [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400002217]""
""PGSC0003DMG400021247""	""Glutathione S-transferase [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400021247]""
""PGSC0003DMG400021567""	""UDP-glucosyltransferase [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400021567]""
""PGSC0003DMG400029132""	""UDP-glucose:glucosyltransferase [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400029132]""
""PGSC0003DMG400007639""	""Cytochrome P450 [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400007639]""
""PGSC0003DMG400033348""	""Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400033348]""
""PGSC0003DMG400007870""	""NBS-LRR protein [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400007870]""
""PGSC0003DMG400024432""	""Exocyst subunit EXO70 A1 [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400024432]""
""PGSC0003DMG402017239""	""Desacetoxyvindoline 4-hydroxylase [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG402017239]""

«continuación»

""PGSC0003DMG400017185""	""1-aminocyclopropane-1-carboxylate oxidase homolog [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400017185]""
""PGSC0003DMG400018822""	""Cyclin-dependent kinases regulatory subunit [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400018822]""
""PGSC0003DMG400003811""	""Nutrient reservoir [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400003811]""
""PGSC0003DMG400002658""	""Esterase/lipase superfamily protein [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400002658]""
""PGSC0003DMG400016904""	""Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400016904]""
""PGSC0003DMG400028435""	""Serine-threonine protein kinase
""PGSC0003DMG400007925""	""Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400007925]""
""PGSC0003DMG400029801""	""Ubiquitin-protein ligase [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400029801]""
""PGSC0003DMG400037235""	""UDP-glucose:glucosyltransferase [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400037235]""
""PGSC0003DMG400022744""	""Cytochrome P450 [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400022744]""
""PGSC0003DMG400019080""	""Cytochrome P450 [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400019080]""
""PGSC0003DMG400029474""	""Cytochrome P450 monooxygenase CYP82E3 [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400029474]""
""PGSC0003DMG400014588""	""Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400014588]""
""PGSC0003DMG400006632""	""Conserved gene of unknown function [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400006632]""
""PGSC0003DMG401013613""	""RWP-RK domain-containing protein [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG401013613]""
""PGSC0003DMG400005098""	""Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400005098]""
""PGSC0003DMG400001172""	""Conserved gene of unknown function [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400001172]""
""PGSC0003DMG400017323""	""CYP72A56 [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400017323]""
""PGSC0003DMG401025785""	""Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG401025785]""
""PGSC0003DMG400037309""	""Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400037309]""
""PGSC0003DMG400012074""	""Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400012074]""
""PGSC0003DMG401030805""	""UDP-glucose:glucosyltransferase [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG401030805]""
""PGSC0003DMG400029129""	""Stress-induced receptor-like kinase [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400029129]""
""PGSC0003DMG400037923""	""Conserved gene of unknown function [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400037923]""
""PGSC0003DMG400021956""	""Leucine-rich repeat resistance protein [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400021956]""
""PGSC0003DMG400023126""	""Conserved gene of unknown function [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400023126]""
""PGSC0003DMG400004730""	""Reverse transcriptase [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400004730]""
""PGSC0003DMG400032516""	""Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400032516]""

«continuación»

""PGSC0003DMG400021822""	""Multidrug resistance protein 1
""PGSC0003DMG400000996""	""Receptor-kinase [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400000996]""
""PGSC0003DMG400047102""	""Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400047102]""
""PGSC0003DMG400034531""	""Leucine-rich repeat receptor kinase PEPR2 [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400034531]""
""PGSC0003DMG400017452""	""Ubiquitin-protein ligase [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400017452]""
""PGSC0003DMG400013730""	""Conserved gene of unknown function [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400013730]""
""PGSC0003DMG400016067""	""Acireductone dioxygenase [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400016067]""
""PGSC0003DMG402007888""	""Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG402007888]""
""PGSC0003DMG400023479""	""Amine oxidase [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400023479]""
""PGSC0003DMG400016045""	""RNA-directed DNA polymerase (Reverse transcriptase); Ribonuclease H [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400016045]""
""PGSC0003DMG402032256""	""Pre-pro-cysteine proteinase [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG402032256]""
""PGSC0003DMG400022070""	""Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400022070]""
""PGSC0003DMG400009169""	""Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400009169]""
""PGSC0003DMG402023368""	""Amine oxidase [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG402023368]""
""PGSC0003DMG400008628""	""RNase H family protein [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400008628]""
""PGSC0003DMG400019604""	""Protein phosphatase 2c [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400019604]""
""PGSC0003DMG400015071""	""Single-stranded nucleic acid binding R3H [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400015071]""
""PGSC0003DMG400004600""	""Cysteine proteinase [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400004600]""
""PGSC0003DMG400027455""	""Ribonuclease t2 [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400027455]""
""PGSC0003DMG402012062""	""N protein [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG402012062]""
""PGSC0003DMG400015480""	""Endonuclease/exonuclease/phosphatase [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400015480]""
""PGSC0003DMG400021875""	""Conserved gene of unknown function [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400021875]""
""PGSC0003DMG400042461""	""Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400042461]""
""PGSC0003DMG400016372""	""Resistance protein PSH-RGH7 [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400016372]""
""PGSC0003DMG400024134""	""Conserved gene of unknown function [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400024134]""
""PGSC0003DMG400035539""	""Sugar transporter [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400035539]""
""PGSC0003DMG400032496""	""Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400032496]""
""PGSC0003DMG401012062""	""Bacterial spot disease resistance protein 4 [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG401012062]""

«continuación»

""PGSC0003DMG400015040""	""Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400015040]""
""PGSC0003DMG400021985""	""Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400021985]""
""PGSC0003DMG400013210""	""Proteasome subunit beta type [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400013210]""
""PGSC0003DMG401023369""	""Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG401023369]""
""PGSC0003DMG402016602""	""Tospovirus resistance protein C [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG402016602]""
""PGSC0003DMG400014286""	""Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400014286]""
""PGSC0003DMG400019774""	""Cytochrome P450 hydroxylase [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400019774]""
""PGSC0003DMG400029523""	""Major latex [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400029523]""
""PGSC0003DMG400013161""	""Transducin family protein [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400013161]""
""PGSC0003DMG400004683""	""Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400004683]""
""PGSC0003DMG401024222""	""Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG401024222]""
""PGSC0003DMG400028085""	""TNP2-like transposon protein [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400028085]""
""PGSC0003DMG400021874""	""Cytochrome P450 [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400021874]""
""PGSC0003DMG400031515""	""Conserved gene of unknown function [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400031515]""
""PGSC0003DMG400004599""	""Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400004599]""
""PGSC0003DMG400022094""	""Major latex [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400022094]""
""PGSC0003DMG400013036""	""Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400013036]""
""PGSC0003DMG400007547""	""Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400007547]""
""PGSC0003DMG400022355""	""Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400022355]""
""PGSC0003DMG400019506""	""Thioredoxin II [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400019506]""
""PGSC0003DMG400025333""	""Short chain alcohol dehydrogenase [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400025333]""
""PGSC0003DMG400021270""	""Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400021270]""
""PGSC0003DMG400016517""	""Conserved gene of unknown function [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400016517]""
""PGSC0003DMG400001681""	""Phosphatidylinositol n-acetylglucosaminyltransferase subunit p [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400001681]""
""PGSC0003DMG400009959""	""Ornithine decarboxylase [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400009959]""
""PGSC0003DMG400031822""	""Kinesin heavy chain [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400031822]""
""PGSC0003DMG400006737""	""Cold-induced glucosyl transferase [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400006737]""
""PGSC0003DMG400031521""	""Tospovirus resistance protein B [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400031521]""

«continuación»

""PGSC0003DMG400003544""	""Serine-threonine protein kinase
""PGSC0003DMG400012174""	""ATP binding protein [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400012174]""
""PGSC0003DMG401014864""	""Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG401014864]""
""PGSC0003DMG400020139""	""Auxin-induced protein 22B [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400020139]""
""PGSC0003DMG400024644""	""101 kDa heat shock protein [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400024644]""
""PGSC0003DMG400010427""	""Kinase [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400010427]""
""PGSC0003DMG400002091""	""Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400002091]""
""PGSC0003DMG400016518""	""Succinic semialdehyde reductase isoform 2 [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400016518]""
""PGSC0003DMG400043507""	""Cation-transporting atpase plant [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400043507]""
""PGSC0003DMG400026872""	""Splicing factor 3B subunit [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400026872]""
""PGSC0003DMG400031557""	""Translocation transactivator/inclusion body protein [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400031557]""
""PGSC0003DMG400001915""	""Flavonoid 3-hydroxylase [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400001915]""
""PGSC0003DMG400029362""	""Potassium transporter [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400029362]""
""PGSC0003DMG400022083""	""Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400022083]""
""PGSC0003DMG400026864""	""Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400026864]""
""PGSC0003DMG400024377""	""Conserved gene of unknown function [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400024377]""
""PGSC0003DMG400030470""	""RAB6-interacting protein [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400030470]""
""PGSC0003DMG400027614""	""Cell wall peroxidase [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400027614]""
""PGSC0003DMG401019771""	""Conserved gene of unknown function [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG401019771]""
""PGSC0003DMG400037627""	""F-box family protein [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400037627]""
""PGSC0003DMG400031522""	""Peptidylprolyl isomerase [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400031522]""
""PGSC0003DMG400015307""	""Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400015307]""
""PGSC0003DMG400021867""	""Cyprosins [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400021867]""
""PGSC0003DMG400017277""	""Receptor-like kinase [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400017277]""
""PGSC0003DMG400042128""	""Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400042128]""
""PGSC0003DMG400006296""	""Tospovirus resistance protein A [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400006296]""
""PGSC0003DMG400016023""	""Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400016023]""
""PGSC0003DMG400018000""	""Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400018000]""

«continuación»

""PGSC0003DMG400033042""	""Abc transporter [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400033042]""
""PGSC0003DMG400022961""	""Conserved gene of unknown function [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400022961]""
""PGSC0003DMG400010213""	""Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400010213]""

ANEXO 19: Asignación Funcional de 136 DEGs Up de Wira Pasña (*S. goniocalix*) que confieren resistencia a *P. infestans*.

"initial_alias	""description""
"ENSRNA049458286	""None""
"PGSC0003DMG400001845	""Purine transporter [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400001845]""
"PGSC0003DMG400036825	""Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400036825]""
"PGSC0003DMG400040086	""Regulator of ribonuclease activity A [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400040086]""
"PGSC0003DMG400025444	""Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400025444]""
"PGSC0003DMG400030149	""Serine-threonine protein kinase
"PGSC0003DMG401028834	""RNA-directed DNA polymerase (Reverse transcriptase) [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG401028834]""
"PGSC0003DMG400024005	""Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400024005]""
"PGSC0003DMG400013171	""Conserved gene of unknown function [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400013171]""
"PGSC0003DMG400013120	""Conserved gene of unknown function [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400013120]""
"PGSC0003DMG400011989	""LRR receptor-like serine/threonine-protein kinase [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400011989]""
"PGSC0003DMG401031172	""PRA1 family protein F3 [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG401031172]""
"PGSC0003DMG400021882	""Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400021882]""
"PGSC0003DMG404008678	""Protein kinase [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG404008678]""
"PGSC0003DMG400005060	""Anthranilate N-benzoyltransferase protein [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400005060]""
"PGSC0003DMG400014736	""Serine-threonine protein kinase
"PGSC0003DMG401022140	""Mitochondrial import receptor subunit TOM20 [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG401022140]""
"PGSC0003DMG400010867	""Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400010867]""
"PGSC0003DMG400013346	""RNAPol24 [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400013346]""
"PGSC0003DMG400006727	""Cyclic nucleotide-gated ion channel 15 [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400006727]""
"PGSC0003DMG400015872	""NBS-LRR type resistance protein [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400015872]""

«continuación»

"PGSC0003DMG400014767	""CND41
"PGSC0003DMG401004946	""S-locus-specific glycoprotein S13 [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG401004946]""
"PGSC0003DMG402015976	""Conserved gene of unknown function [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG402015976]""
"PGSC0003DMG401021681	""Conserved gene of unknown function [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG401021681]""
"PGSC0003DMG400003936	""Primary amine oxidase [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400003936]""
"PGSC0003DMG400017330	""Serine-threonine protein kinase
"PGSC0003DMG400005731	""Lipid transfer protein [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400005731]""
"PGSC0003DMG400017508	""UDP-glucose:solanidine glucosyltransferase [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400017508]""
"PGSC0003DMG401017241	""Desacetoxyvindoline 4-hydroxylase [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG401017241]""
"PGSC0003DMG400007066	""Gamma-glutamylhydrolase 1 [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400007066]""
"PGSC0003DMG400021831	""Inositol-3-phosphate synthase [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400021831]""
"PGSC0003DMG400009326	""Conserved gene of unknown function [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400009326]""
"PGSC0003DMG400026556	""Ubiquitin-protein ligase [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400026556]""
"PGSC0003DMG400006933	""SET protein
"PGSC0003DMG400029752	""Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400029752]""
"PGSC0003DMG400029822	""Replication factor A [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400029822]""
"PGSC0003DMG400031547	""Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400031547]""
"PGSC0003DMG400000655	""Serine/threonine-protein phosphatase 7 long form homolog [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400000655]""
"PGSC0003DMG400025547	""Late blight resistance protein [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400025547]""
"PGSC0003DMG400023485	""Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400023485]""
"PGSC0003DMG400011670	""Transposon protein
"PGSC0003DMG400027639	""Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400027639]""
"PGSC0003DMG400037701	""Conserved gene of unknown function [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400037701]""

«continuación»

"PGSC0003DMG400038425	""CG15040 [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400038425]""
"PGSC0003DMG400002886	""Serine-threonine protein kinase
"PGSC0003DMG400028873	""TNP2 [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400028873]""
"PGSC0003DMG400004979	""Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400004979]""
"PGSC0003DMG400031274	""S haplotype-specific F-box protein [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400031274]""
"PGSC0003DMG400031277	""F-box domain-containing protein [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400031277]""
"PGSC0003DMG400021749	""Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400021749]""
"PGSC0003DMG400034093	""Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400034093]""
"PGSC0003DMG400036554	""F-box protein [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400036554]""
"PGSC0003DMG400031279	""F-box domain-containing protein [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400031279]""
"PGSC0003DMG400034710	""Purine transporter [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400034710]""
"PGSC0003DMG400007755	""SFBBbeta protein [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400007755]""
"PGSC0003DMG400026063	""Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400026063]""
"PGSC0003DMG400021397	""Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400021397]""
"PGSC0003DMG400025418	""Retrotransposon protein [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400025418]""
"PGSC0003DMG400042297	""Flavonol synthase/flavanone 3-hydroxylase [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400042297]""
"PGSC0003DMG400019558	""Stromal antigen [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400019558]""
"PGSC0003DMG400024277	""Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400024277]""
"PGSC0003DMG400027530	""Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400027530]""
"PGSC0003DMG400027638	""Mutator transposase-like polypeptide [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400027638]""
"PGSC0003DMG400031032	""RNA-directed DNA polymerase (Reverse transcriptase) [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400031032]""
"PGSC0003DMG400040013	""Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400040013]""
"PGSC0003DMG402028118	""FK506-binding protein [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG402028118]""

«continuación»

"PGSC0003DMG400045937	""Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400045937]""
"PGSC0003DMG400011724	""Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400011724]""
"PGSC0003DMG400007664	""RNA-directed DNA polymerase (Reverse transcriptase) [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400007664]""
"PGSC0003DMG400004420	""Transposon protein
"PGSC0003DMG400007666	""Orf120a protein [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400007666]""
"PGSC0003DMG400002433	""F-Box protein [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400002433]""
"PGSC0003DMG400031267	""Conserved gene of unknown function [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400031267]""
"PGSC0003DMG400013225	""Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400013225]""
"PGSC0003DMG400022069	""Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400022069]""
"PGSC0003DMG400015727	""Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400015727]""
"PGSC0003DMG403029613	""Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG403029613]""
"PGSC0003DMG401013738	""Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG401013738]""
"PGSC0003DMG400031278	""F-box protein [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400031278]""
"PGSC0003DMG400004465	""Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400004465]""
"PGSC0003DMG400022859	""Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400022859]""
"PGSC0003DMG400031541	""TNP2-like transposon protein [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400031541]""
"PGSC0003DMG400024364	""Rpi-vnt1 [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400024364]""
"PGSC0003DMG400002871	""Conserved gene of unknown function [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400002871]""
"PGSC0003DMG400024980	""Polyprotein [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400024980]""
"PGSC0003DMG400024287	""Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400024287]""
"PGSC0003DMG400005590	""Disease resistance protein [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400005590]""
"PGSC0003DMG400008596	""Cc-nbs-lrr resistance protein [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400008596]""
"PGSC0003DMG400029750	""Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400029750]""

«continuación»

"PGSC0003DMG400031271	""AAA ATPase [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400031271]""
"PGSC0003DMG400003345	""Cytochrome P450 [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400003345]""
"PGSC0003DMG400017246	""1-aminocyclopropane-1-carboxylate oxidase homolog [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400017246]""
"PGSC0003DMG400014468	""MtN19 [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400014468]""
"PGSC0003DMG400023762	""Globulin [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400023762]""
"PGSC0003DMG401021841	""Replication factor A [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG401021841]""
"PGSC0003DMG401029613	""Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG401029613]""
"PGSC0003DMG400002847	""Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400002847]""
"PGSC0003DMG400033357	""Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400033357]""
"PGSC0003DMG400020377	""70 kDa subunit of replication protein A [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400020377]""
"PGSC0003DMG400013559	""UDP-glucosyltransferase [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400013559]""
"PGSC0003DMG400014589	""Calmodulin binding protein [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400014589]""
"PGSC0003DMG400012950	""Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400012950]""
"PGSC0003DMG400008593	""Flavonoid glucosyltransferase UGT73E2 [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400008593]""
"PGSC0003DMG400024363	""Rpi-vnt1 [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400024363]""
"PGSC0003DMG400031303	""F-box domain containing protein [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400031303]""
"PGSC0003DMG400018253	""Leucine rich repeat-type serine/threonine receptor-like kinase [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400018253]""
"PGSC0003DMG400013109	""Metal transporter [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400013109]""
"PGSC0003DMG400025108	""Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400025108]""
"PGSC0003DMG400001269	""Receptor kinase [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400001269]""
"PGSC0003DMG400021726	""Furin [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400021726]""
"PGSC0003DMG400011517	""HJTR2GH1 protein [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400011517]""
"PGSC0003DMG400040729	""FERONIA receptor-like kinase [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400040729]""

«continuación»

"PGSC0003DMG400026566	""Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400026566]""
"PGSC0003DMG400025686	""Cytochrome P450 [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400025686]""
"PGSC0003DMG400025772	""Tip120 [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400025772]""
"PGSC0003DMG400003380	""Late blight resistance protein homolog R1A-4 [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400003380]""
"PGSC0003DMG401031520	""Cytochrome P450 [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG401031520]""
"PGSC0003DMG400040510	""Ubiquitin-protein ligase [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400040510]""
"PGSC0003DMG400012083	""Receptor kinase [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400012083]""
"PGSC0003DMG400023826	""Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400023826]""
"PGSC0003DMG402031520	""Cytochrome P450 [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG402031520]""
"PGSC0003DMG400013478	""Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400013478]""
"PGSC0003DMG400026876	""Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400026876]""
"PGSC0003DMG400017234	""Auxin-induced protein 5NG4 [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400017234]""
"PGSC0003DMG400030581	""Receptor kinase [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400030581]""
"PGSC0003DMG400002427	""Bacterial spot disease resistance protein 4 [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400002427]""
"PGSC0003DMG400010320	""11S globulin isoform 4 [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400010320]""
"PGSC0003DMG400022699	""Resistance gene [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400022699]""
"PGSC0003DMG402018777	""LEDI-5c protein [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG402018777]""
"PGSC0003DMG400000325	""Ultraviolet-B-repressible protein [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400000325]""
"PGSC0003DMG400012466	""Conserved gene of unknown function [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400012466]""
"PGSC0003DMG400026877	""Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400026877]""
"PGSC0003DMG400007469	""NRC1 [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400007469]""
"PGSC0003DMG400005577	""NB-ARC domain containing protein [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400005577]""
"PGSC0003DMG400014369	""Dimethylallyltransferase [Source:PGSC_GENE";"Acc:PGSC0003DMG400014369]""

ANEXO 20: Publicaciones Derivados de la Presente Investigación.

1. Artículo publicado en revista científica internacional, indexada en Scopus, con *impact factor* mayor de 1.0.

En American Journal of Potato Research. Año 2020: "Simple Sequence Repeat-Based Genetic Diversity and Analysis of Molecular Variance among On-Farm Native Potato Landraces from the influence zone of Camisea Gas Project, Northern Ayacucho, Peru", Autores: Germán De la Cruz ^{1,2} • Tomás Yuret Miranda ² • Raúl Humberto Blas³ • Edgar Neyra* ⁵ • Gisella Orjeda ^{4,6}. doi: <https://doi.org/10.1007/s12230-020-09763-7>

2. Ponencia en Congresos Internacionales y/o Nacionales.

I Congreso Internacional de Biotecnología e Innovación ICBI, Año 2018. Premiado en exposición oral: "Potato Candidates Genes for Resistance to *Globodera pallida*, identified with ARNseq of the radicular transcriptome". Autores: De la Cruz, G. F.¹; Carreño, H.²; Ponce O.²; Lozano, R³ y Neyra, E².

IV Congreso Mejoramiento Genético y Biotecnológico de Plantas MGBP, Año 2019. Premiado en exposición oral. "Avances en la búsqueda de genes de resistencia en papas nativas a *Phytophthora infestans* usando ARN-seq". Autores: Germán De la Cruz^{1,2}, Willmer Pérez³, Raul Blas¹ y Edgar Neyra⁴

3. Artículo científico internacional publicado en el transcurso de la investigación doctoral, y relacionada con el tema de investigación doctoral. Indexado en Scopus.

En la Revista Peruana de Biología (Scopus, Q3), Año 2020: "Transcriptomic profiling against *Globodera pallida* in resistant and susceptible potato Roots" Autores: Hans Carreño, Olga Ponce, Regina Casanova, Germán De la Cruz* y Edgar Neyra. doi: <http://dx.doi.org/10.15381/rpb.v27i1.17576>