

Estación Experimental Santo Domingo-INIAP, 40 años al servicio de los palmicultores del Ecuador

**RESEÑA HISTÓRICA DE LA
ESTACIÓN EXPERIMENTAL SANTO
DOMINGO DEL INIAP. LOS PRIMEROS AÑOS**

SELECCIONES DE CACAO CLONAL

**ANCUPA: ASOCIACIÓN NACIONAL DE CULTIVADORES
DE PALMA AFRICANA
FEDAPAL: FUNDACIÓN DE FOMENTO DE
EXPORTACIONES DE ACEITE CRUDO DE PALMA Y SUS
DERIVADOS DE ORIGEN NACIONAL**



Caracterización Morfoagronómica de la diversidad genética de la colección de *Lupinus spp* del Banco de Germoplasma del INIAP

César Tapia, Ing. Agr. M.Sc.¹

Eduardo Morillo, Biol.²

Eduardo Peralta, Ing. Agr. M.C.³

José Velásquez, Ing. Agr. M.Sc.⁴

RESUMEN

Para la caracterización morfoagronómica se utilizó una matriz de distancias entre 275 entradas para un total de 19 caracteres cualitativos y cuantitativos, la cual sirvió para el análisis de agrupamiento jerárquico de Ward (1963). Las distancias entre grupos se analizaron para los caracteres de mayor valor discriminante "D". Así, la colección se clasificó en seis grupos; los cuatro primeros grupos correspondieron a germoplasma de *L. mutabilis* originario de Bielorusia, Bolivia, Ecuador y Perú. El quinto grupo estuvo integrado por accesiones de Bielorrusia de las especies

L. mutabilis y *L. hybridus*. Por último, el sexto grupo correspondió a entradas de la especie *L. albus*. Se identificaron entre grupos cuatro caracteres cualitativos y dos cuantitativos con mayor poder discriminante, los cuales son la distribución del color secundario de la semilla, color predominante de la semilla, color secundario de la semilla, color del botón floral, número de vainas por planta y rendimiento en gramos por planta. Estos se identificaron como los caracteres más útiles para utilizarse en los procesos de premejoramiento (potenciación genética).

¹ Líder del Departamento Nacional de Recursos Fitogenéticos y Biotecnología (DENAREF), Estación Experimental Santa Catalina del INIAP.

² Investigador Agropecuario del DENAREF de la Estación Experimental Santa Catalina del INIAP.

³ Líder del Programa Nacional de Leguminosas (PRONALEG) de la Estación Experimental Santa Catalina del INIAP.

⁴ Responsable del Departamento de Producción de Semillas de la Estación Experimental Santa Catalina del INIAP.

INTRODUCCIÓN

El chocho o tarwi (*Lupinus mutabilis* Sweet) es una leguminosa de origen andino, de importancia estratégica en la alimentación humana por su alto contenido de proteína (40%) y por sus características agronómicas, como rusticidad, capacidad de fijación de nitrógeno y adaptabilidad a medios ecológicos más secos, ubicados entre 2.800 y 3.600 msnm (Rivera et al., 1998).

Desde el punto de vista botánico, el chocho es una especie autógama y de polinización cruzada, pudiendo alcanzar hasta el 40% de alogamia. Tiene hojas digitadas, compuestas, pecioladas de cinco o más folíolos; el tallo es semileñoso, cilíndrico cuya altura oscila entre 50 y 280 cm. Las flores tienen la típica forma de las papilionáceas; la corola está formada por cinco pétalos y la quilla envuelve al pistilo y a los 10 estambres (Tapia, 1990; Cerrate y Camarena, 1981).

El fruto es una vaina alargada de 5 a 12 cm, pubescente y contiene de 3 a 8 semillas. Las semillas son ovaladas, comprimidas en la superficie y con una amplia variabilidad en cuanto a color, el mismo que va desde blanco puro hasta el negro (Ortega y Palacios, 1995).

La caracterización de la variabilidad genética de *Lupinus* spp constituye un factor de peso decisivo en la solución de los problemas actuales y futuros relacionados con la productividad del cultivo, la adaptación a los cambios climáticos y el desarrollo de nuevas alternativas en la obtención de variedades mediante la utilización de métodos tradicionales o biotecnológicos (IPGRI, 1995; Karp et al., 1997).

Velásquez (1993) realizó una caracterización morfológica y evaluación agronómica de 283 accesiones de la colección de *Lupinus* spp. del Banco de Germoplasma del INIAP del Ecuador, para la que utilizó principalmente los siguientes caracteres cuantitativos: vigor de la planta, altura de planta, largo promedio de la inflorescencia, largo del pedúnculo, largo de la vaina, ancho de la vaina, número de vainas por planta, número de granos por vaina, largo de la semilla, ancho de la semilla, tamaño del cotiledón, días a la emergencia, días a la floración, días a la madurez, rendimiento, porcentaje de proteínas y porcentaje de alcaloides. Los caracteres cualitativos fueron: pubescencia en la hoja, formación del tallo, color del botón floral, color de la flor, pubescencia de la vaina, dehiscencia de la vaina, forma de la semilla, color de la semilla y color del cotiledón. En esta investigación se pudo observar que los caracteres del tallo y de la semilla son importantes en la clasificación taxonómica de este género.



En la misma investigación se identificaron cinco grupos jerárquicos. El primer grupo se caracterizó por contener accesiones de *Lupinus mutabilis*; el segundo grupo lo conformaron entradas de *Lupinus albus*. El tercer grupo se conformó por entradas provenientes de Rusia, existiendo también especies de *L. mutabilis* y *L. hybridus*. El cuarto grupo estuvo integrado por una sola accesión también de *L. angustifolius*. Por último, el quinto grupo estuvo conformado por una entrada de *L. luteus*.

En el presente estudio se caracterizaron morfológicamente 275 entradas de *Lupinus* spp originarias de América, el Mediterráneo y Rusia.



MATERIALES Y MÉTODOS

El ensayo fue sembrado en la Estación Experimental Santa Catalina (INIAP-Ecuador) ubicada a 3.050 msnm. Durante un ciclo del cultivo se evaluaron 19 descriptores cualitativos y cuantitativos en 275 accesiones de *Lupinus* spp. (Velásquez, 1993).

Métodos estadísticos

La estimación del parecido taxonómico de los caracteres morfológicos se realizó mediante el coeficiente de distancia de Gower (1967) del software SAS, versión 6.12. La estructura taxonómica de las accesiones se analizó por medio del agrupamiento jerárquico de Ward (1963). La elección del número de grupos de accesiones se hizo con los criterios de Pseudo F y Pseudo t^2 utilizando el procedimiento CLUSTER.

La determinación del valor discriminante entre grupos para caracteres cuantitativos se determinó a través del índice "D" de Engels (1983) utilizando las medias de los grupos en las comparaciones múltiples de Duncan (Duncan, 1975) Para los caracteres cualitativos, el valor discriminante para separar grupos se estimó con base en el análisis de frecuencias y las estadísticas de Cramer (V) (Kendall y Stuart, 1979), contingencia (P) y Chi cuadrado (X^2).

RESULTADOS

Valor discriminante de los caracteres para separar grupos

Caracteres cualitativos

De los ocho caracteres analizados mediante la prueba de X^2 (Cochran, 1954), todos presentaron valores con alta significación (1%). Estos resultados indican que los caracteres cualitativos al presentar además altos coeficientes de asociación (P) tienen un importante aporte para separar los seis diferentes grupos genéticos. En el Cuadro 2 se indican cuatro caracteres elegidos por su mayor valor discriminante, que pueden utilizarse para establecer diferencias entre grupos genéticos.

La distribución del color secundario y el color predominante de la semilla fueron los caracteres con el mayor valor discriminante (814,6 y 677,2 respectivamente) y con los más altos coeficientes de asociación. Además, el color predominante de la semilla presentó el mayor valor según la prueba de Cramer (0,70), por lo tanto, tiene una alta contribución para discriminar entre grupos genéticos consolidándolo como un carácter fundamental para separar grupos.

Cuadro 1. Distribución de las entradas de *Lupinus* por grupo, según el análisis de agrupamiento jerárquico de Ward.

Conformación de grupos*					
Grupo 1				Grupo 4	Grupo 5
ECU-647 muta E	ECU-684 muta E	ECU-2713 muta P	ECU-2663 muta P	ECU-646 muta E	ECU-730 muta E
ECU-650 muta E	ECU-685 muta E	ECU-2716 muta P	ECU-2665 muta P	ECU-662 muta E	ECU-754 angu A
ECU-659 muta E	ECU-687 muta E	ECU-2724 muta P	ECU-2666 muta P	ECU-667 muta E	ECU-2695 lute
ECU-661 muta E	ECU-688 muta E	ECU-2725 muta P	ECU-2667 muta P	ECU-670 muta E	ECU-5906 muta By
ECU-674 muta E	ECU-689 muta E	ECU-2730 muta P	ECU-2669 muta P	ECU-672 muta E	ECU-5907 muta By
ECU-683 muta E	ECU-690 muta E	ECU-2734 muta P	ECU-2670 muta P	ECU-673 muta E	ECU-5910 muta By
ECU-686 muta E	ECU-695 muta E	ECU-2735 muta E	ECU-2686 muta B	ECU-682 muta E	ECU-5911 muta By
ECU-691 muta E	ECU-696 muta E	ECU-2736 muta E	ECU-2689 muta B	ECU-693 muta E	ECU-5912 muta By
ECU-692 muta E	ECU-697 muta E	ECU-2745 spp. B	ECU-2690 muta B	ECU-704 muta E	ECU-5913 muta By
ECU-701 muta E	ECU-698 muta E	ECU-2756 muta B	ECU-2691 muta B	ECU-706 muta P	ECU-5914 muta By
ECU-711 muta P	ECU-699 muta E	ECU-2757 muta E	ECU-2692 muta B	ECU-709 muta P	ECU-5915 muta By
ECU-721 muta P	ECU-700 muta E	ECU-2759 muta E	ECU-2697 muta B	ECU-712 muta P	ECU-5917 muta By
ECU-725 spp. E	ECU-702 muta E	ECU-2763 muta B	ECU-2698 muta B	ECU-719 muta P	ECU-5918 muta By
ECU-745 muta E	ECU-703 muta E	ECU-3047 muta E	ECU-2700 muta B	ECU-720 muta P	ECU-5919 muta By
ECU-755 muta E	ECU-705 muta P	ECU-3049 muta E	ECU-2703 muta B	ECU-722 muta P	ECU-5921 muta By
ECU-2318 muta E	ECU-713 muta P	ECU-3056 muta E	ECU-2704 muta B	ECU-724 muta P	ECU-5922 muta By
ECU-2650 muta E	ECU-714 muta P	ECU-3059 muta E	ECU-2708 muta P	ECU-727 muta E	ECU-5923 muta By
ECU-2651 muta E	ECU-715 muta P	ECU-3065 muta E	ECU-2709 muta P	ECU-729 muta E	ECU-5925 Hybr By
ECU-2656 muta E	ECU-716 muta P	ECU-3719 muta E	ECU-2710 muta P	ECU-734 muta E	ECU-5928 Hybr By
ECU-2660 muta P	ECU-717 muta P		ECU-2713 muta P	ECU-739 muta E	ECU-5929 Hybr By
ECU-2673 muta P	ECU-718 muta P	Grupo 3	ECU-2714 muta P	ECU-740 muta P	ECU-5930 Hybr By
ECU-2674 muta E	ECU-723 muta P		ECU-2715 muta P	ECU-741 muta P	ECU-5931 Hybr By
ECU-2677 muta E	ECU-731 muta E	ECU-645 muta E	ECU-2717 muta P	ECU-748 muta E	ECU-5932 Hybr By
ECU-2678 muta E	ECU-732 muta E	ECU-649 muta E	ECU-2718 muta P	ECU-749 muta E	ECU-5933 Hybr By
ECU-2680 muta E	ECU-737 muta E	ECU-652 muta E	ECU-2719 muta P	ECU-751 muta E	ECU-5934 Hybr By
ECU-2682 muta E	ECU-743 muta E	ECU-653 muta E	ECU-2720 muta P	ECU-2662 muta P	ECU-5935 Hybr By
ECU-2705 spp. E	ECU-746 muta E	ECU-655 muta E	ECU-2722 muta P	ECU-2668 muta P	
ECU-2746 muta E	ECU-747 muta E	ECU-657 muta E	ECU-2723 muta P	ECU-2685 muta P	Grupo 6
ECU-2760 muta E	ECU-750 muta E	ECU-658 muta E	ECU-2726 muta P	ECU-2687 muta B	ECU-736 spp. P
ECU-3048 muta E	ECU-2648 muta E	ECU-664 muta E	ECU-2727 muta P	ECU-2693 muta B	ECU-2742 albu Es
ECU-3050 muta E	ECU-2649 muta E	ECU-666 muta E	ECU-2728 muta P	ECU-2729 muta P	ECU-3045 albu E
ECU-3052 muta E	ECU-2655 muta E	ECU-671 muta E	ECU-2731 muta P	ECU-2733 muta P	ECU-3046 albu E
ECU-3055 muta E	ECU-2657 muta P	ECU-694 muta E	ECU-2732 muta P	ECU-2740 muta P	ECU-5902 albu Po
ECU-3060 muta E	ECU-2664 muta P	ECU-707 muta P	ECU-2737 muta P	ECU-2743 muta E	ECU-5903 albu ER
ECU-3062 muta E	ECU-2671 muta P	ECU-708 muta P	ECU-2739 muta P	ECU-2758 muta P	ECU-5904 albu H
	ECU-2672 muta P	ECU-710 muta P	ECU-2741 muta P	ECU-2764 muta B	ECU-5905 albu Po
Grupo 2	ECU-2675 muta E	ECU-723 muta P	ECU-2744 muta P	ECU-2766 muta P	
	ECU-2676 muta E	ECU-733 muta E	ECU-2755 muta E	ECU-2767 muta P	
ECU-644 muta E	ECU-2679 muta E	ECU-735 muta E	ECU-2761 muta B	ECU-2768 muta P	
ECU-648 muta E	ECU-2681 muta E	ECU-738 muta E	ECU-2762 muta B	ECU-2769 muta P	
ECU-651 muta E	ECU-2683 muta E	ECU-742 muta P	ECU-2765 muta P	ECU-3054 muta E	
ECU-654 muta E	ECU-2684 muta E	ECU-744 muta E	ECU-3051 muta E	ECU-5908 muta By	
ECU-656 muta E	ECU-2688 muta B	ECU-752 muta E	ECU-3053 muta E	ECU-5909 muta By	
ECU-660 muta E	ECU-2699 muta B	ECU-753 muta E	ECU-3057 muta E	ECU-5916 muta By	
ECU-663 muta E	ECU-2701 muta B	ECU-2332 muta E	ECU-3058 muta E	ECU-5920 muta By	
ECU-665 muta E	ECU-2702 muta B	ECU-2652 muta E	ECU-3061 muta E	ECU-5927 Hybr By	
ECU-668 muta E	ECU-2706 muta E	ECU-2653 muta E	ECU-3063 muta E		
ECU-669 muta E	ECU-2707 muta P	ECU-2654 muta B	ECU-3064 muta E		
ECU-675 muta E	ECU-2711 muta P	ECU-2658 muta P			
ECU-679 muta E	ECU-2712 muta P	ECU-2659 muta P			
ECU-681 muta E		ECU-2661 muta P			

* Códigos: ECU = Código Banco; E = Ecuador; P = Perú; B = Bolivia; By = Bielorrusia; Po = Polonia; H = Hungría; ER = ExRusia; A = Australia; Es = España; muta = *L. mutabilis*; hybr = *L. hybridus*; albu = *L. albus*; angu = *L. angustifolius*; lute = *L. luteus*.

Cuadro 2. Caracteres cualitativos de mayor valor discriminante entre grupos de entradas de la colección de chocho (*Lupinus mutabilis* S.).

Carácter	X ²	Cofic. (P)	Cramer (V)
Distribución del color secundario de la semilla	814,6**	1,72	0,54
Color predominante de la semilla	677,2**	1,57	0,70
Color secundario de la semilla	657,1**	1,55	0,58
Color del botón floral	602,6**	1,48	0,66

** = Significativo al 1% de probabilidad.

Caracteres cuantitativos

Según Engels (1983), un carácter para el cual los seis grupos tengan valores marcadamente distintos, tendrá un valor "D" máximo de 1, por cuanto todas las comparaciones posibles serán significativas. En el Cuadro 3 se observa al número de vainas por planta y al rendimiento en gramos por planta con mayor

valor discriminante (0,88 y 0,85, respectivamente) las mismas que permitieron diferenciar los seis grupos. Además, se detectó que las entradas dentro de los grupos no mantienen una relación estrecha, es decir, existe mucha variación ya que presentan altos valores de desviación estándar.

Cuadro 3. Caracteres cuantitativos de mayor valor discriminante entre grupos de entradas de la colección de chocho.

Carácter	Valor discriminante "D"
Número de vainas por planta	0,88
Rendimiento en gramos por planta	0,85
Altura de la planta	0,79
Peso de 100 semillas (g)	0,75
Número de granos por vaina	0,70
Días a la floración	0,65
Días a la cosecha	0,65
Incidencia y severidad de antracnosis	0,52
Rendimiento/ha	0,34
Incidencia y severidad de marchitamiento	0,24

Estructura de los agrupamientos

El resultado del agrupamiento detectó seis grupos de entradas cuya distribución se indica en el Cuadro 1. Los cuatro primeros grupos corresponden a germoplasma de *L. mutabilis* originario de Bielorusia, Bolivia, Ecuador y Perú. El quinto grupo está integrado por accesiones de Bielorusia de las especies *L. muta-*

bilis y *L. hybridus*. Por último, el sexto grupo corresponde a entradas de la especie *L. albus*.

El agrupamiento 1 representa principalmente a las entradas de *L. mutabilis* que se cultivan principalmente en Ecuador. Los agrupamientos 2 y 3 contienen

entradas de *L. mutabilis* originarias de Ecuador, Perú y Bolivia. El agrupamiento 4 corresponde al igual que los anteriores a *L. mutabilis* con excepción de un material de *L. hybridus*, además de incluirse accesiones de Bielorrusia. El agrupamiento 5 está conformado por entradas de *L. mutabilis*, *L. hybridus*, *L. luteus* y *L. angustifolius*, predominando las dos primeras especies. Estas entradas provienen de Bielorrusia con excepción de una accesión de Ecuador. El agrupamiento 6 está integrado exclusivamente por entradas de *L. albus* originarias de Polonia, ExRusia España y Hungría.

La Figura 1 representa la ubicación espacial de los individuos de acuerdo a las ecuaciones construidas a

partir del coeficiente de Gower (1967) en cada una de las 275 entradas mediante el análisis discriminante canónico. La variable canónica CAN1 explica el 37% de la variabilidad total y separa los grupos 1 y 6 de los demás grupos, mientras que la variable canónica CAN2 (que explica el 27% de la variabilidad) separa los grupos 2 y 3, de los otros dos. Además, se observa que la mayor distancia se presentó entre los grupos 1 (*L. mutabilis*-Ecuador) y 5 (*L. mutabilis* y *L. hybridus*-Bielorrusia) con 69,3. Por el contrario, los grupos más relacionados fueron el 2, 3, y 4, con entradas originarias de Ecuador, Perú y Bolivia pertenecientes a *L. mutabilis* con distancias de 14,4 (2 y 3), 27,1 (2 y 4) y 26,4 (3 y 4).

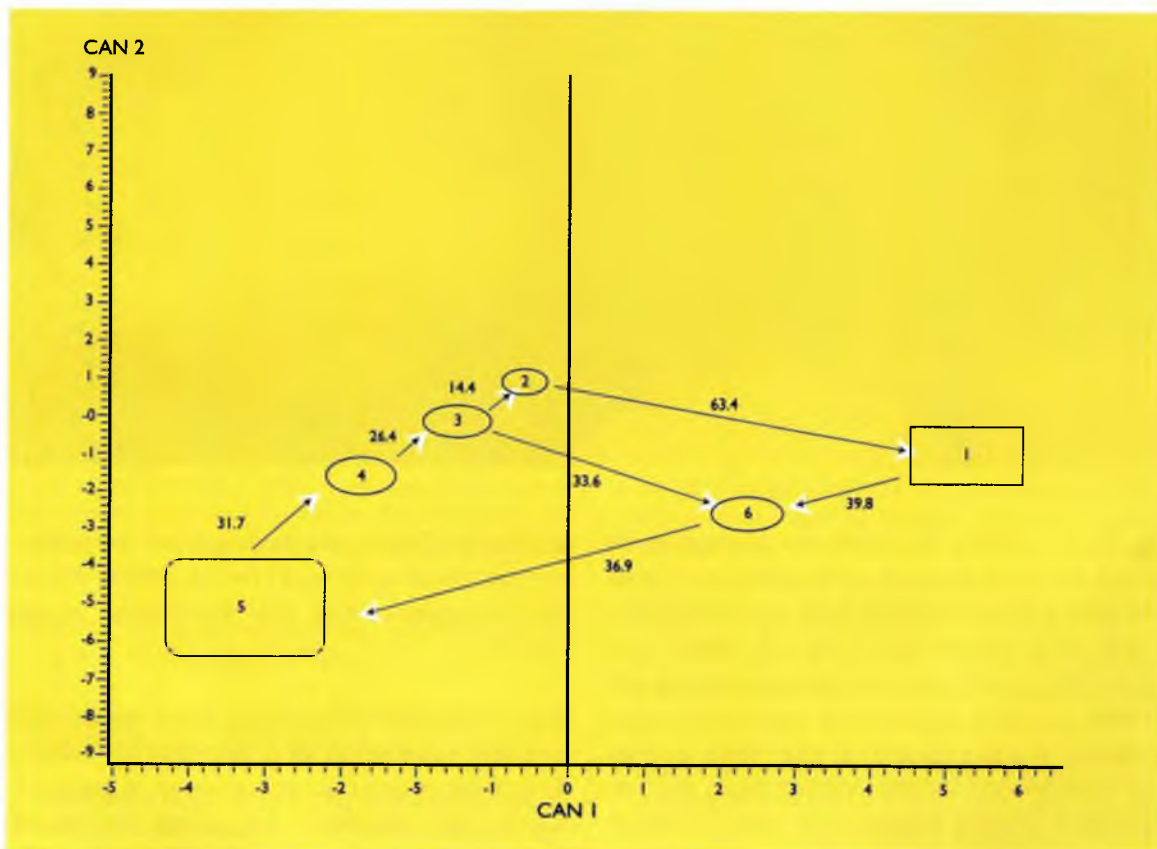


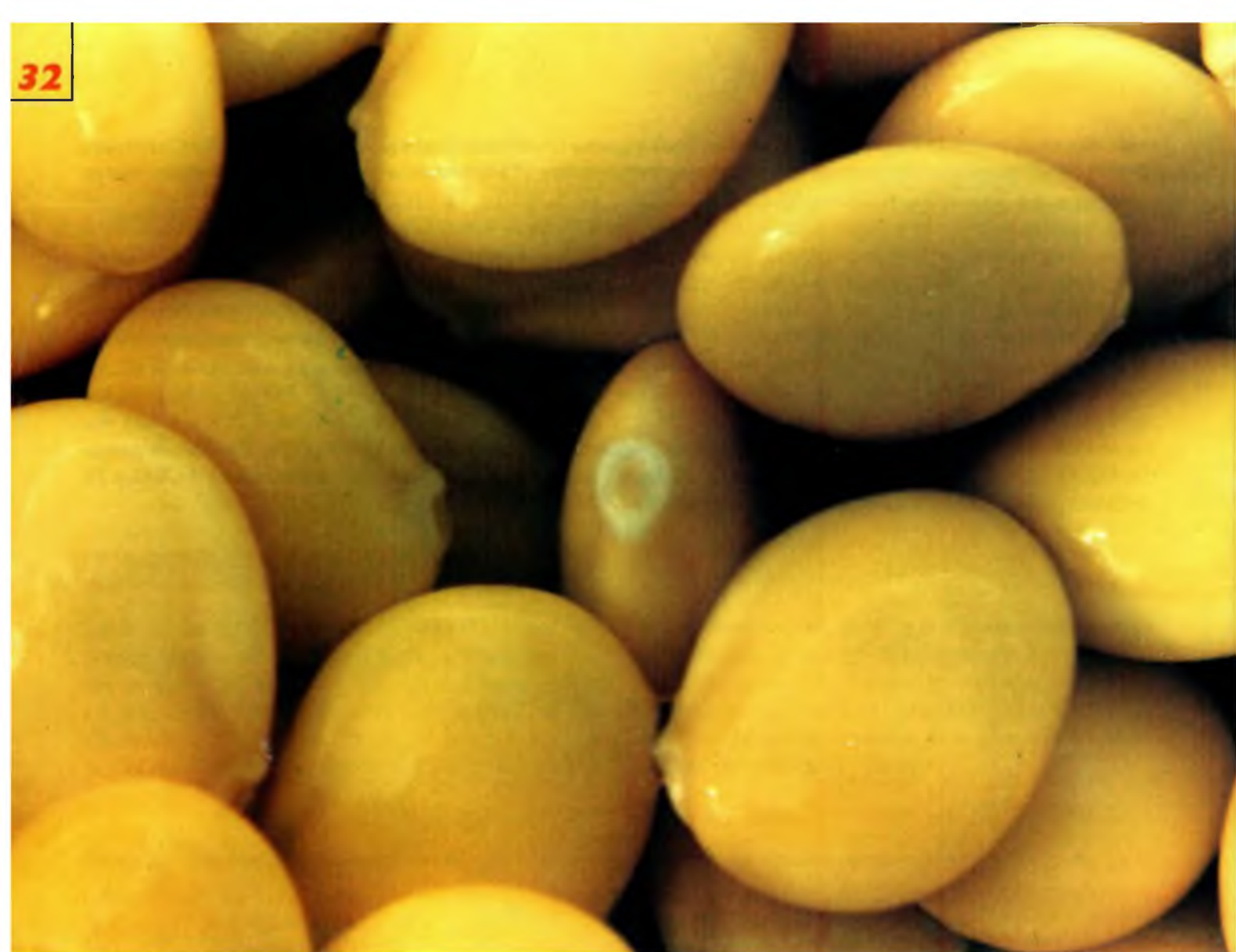
Figura 1. Distribución de las entradas en función de las variables canónicas CAN1 y CAN2, procedentes del análisis de resultados del coeficiente de Gower (1967).

DISCUSIÓN

El análisis morfoagronómico permitió identificar los niveles de variabilidad del material estudiado y con esta información se podría determinar en el futuro la respuesta a la selección y sus antecedentes genéticos; las correlaciones genéticas y las fuerzas de selección pueden ser inferidas (Wolff, 1988). Además, la caracterización de este grupo de genotipos, permitió ampliar los conocimientos de la variabilidad

genética del género, facilitando así la identificación de materiales con características útiles para los programas de mejoramiento.

Según la caracterización morfoagronómica, existen seis diferentes grupos genéticos. Los caracteres cualitativos que mejor discriminan entre grupos fueron: la distribución del color secundario y el color pre-



dominante de la semilla, variables con las cuales se evidencia que existe una parte de la planta exclusiva para diferenciar grupos. Además, este tipo de caracteres no son muy influenciados por el medio ambiente; esto concuerda con las investigaciones de Leakey (1988) en otra leguminosa como fréjol, en donde se resalta la importancia de usar descriptores fenotípicos de herencia simple (cualitativos) para la caracterización y futuros trabajos de mejoramiento.

Los caracteres cuantitativos que mejor separan entre grupos fueron: número de vainas por plantas y el rendimiento en gramos por planta. Esto sugiere que los caracteres de la vaina que están relacionados con el rendimiento son los que más discriminan para separar grupos, a pesar de estar muy influenciados por el ambiente. En consecuencia, dichos caracteres son también de importancia para futuros estudios de evaluación agronómica y premejoramiento.

Las variedades observadas se aprovecharía para realizar selección poblacional e individual en cada uno de los grupos de *Lupinus mutabilis* con el fin de seleccionar los mejores genotipos por rendimiento, precocidad, calidad de grano y resistencia a enfer-

medades. Dentro de cada grupo se puede identificar progenitores con el fin de utilizar en cruzamientos intraespecíficos con variedades comerciales y criollas.

Los resultados indican que en la región andina existen dos morfotipos de *L. mutabilis* bien diferenciados. El primer morfotipo comprende al grupo 1, conformado por entradas originarias de Ecuador, cuya morfología se diferencia notablemente del segundo morfotipo. Este, que comprende a los grupos 2, 3 y 4, presenta caracteres cualitativos y cuantitativos muy similares entre ellos, y una amplia distribución geográfica, ya que consta de materiales de Ecuador, Bolivia y Perú. Por otro lado, el grupo 5, incluye materiales de *L. mutabilis* y *L. hybridus* originarias de Bielorrusia, debido probablemente a que materiales de *L. mutabilis* se introdujeran de América a esta zona, en donde dado el interés proteico por esta especie (NRC, 1989), se haya comenzado a seleccionar y posiblemente a cruzar entre las dos especies originando un nuevo "pool genética" (fuente genética) (Tapia 1990, Cerrate y Camarena, 1981). Esta hipótesis concuerda con los resultados obtenidos por Velásquez (1993), cuyo análisis estadístico detectó tam-

bién similitudes morfológicas entre ambas especies. Por último, las entradas de *L. albus* ubicadas en el grupo 6 muestran también diferencias respecto a los demás grupos, con caracteres propios de la especie.

Por lo tanto, en la región andina existe un morfotipo que está ampliamente distribuido en Perú, Ecuador y Bolivia mientras que otro se encuentra principalmente en Ecuador. Los materiales de Bielorrusia posiblemente corresponden al primer morfotipo dada la distancia genética que se observa entre ellos (figura 1). Es necesario realizar una caracterización molecular para poder corroborar los resultados obtenidos en esta investigación.

AGRADECIMIENTOS

Los autores expresan su agradecimiento al personal técnico del Programa Nacional de Leguminosas (PRONALEG) del Instituto Nacional Autónomo de Investigaciones Agropecuarias (INIAP), Proyecto P-BID-206 por su aporte a la caracterización morfológica de este grano andino de importancia nacional y regional, en pro de la seguridad alimentaria.

Bibliografía

- CERRATE, A. & CAMARENA, F. 1981. Agronomía, mejoramiento genético, semillas e informe de avances de investigación en tarwi (*Lupinus mutabilis* Sweet) en Lima. Universidad Agraria La Molina. Lima, Perú. 114 p.
- COCHRAN, W. 1954. Some methods for strengthening the common X² tests. *Biometrics* 10:417-451.
- DUNCAN, D. 1975. T-tests and intervals for comparisons suggested by the data. *Biometrics* 31:339-359.
- ENGELS, J.M.M. 1983. A systematic description of cacao clones. I. The discriminative value of quantitative characteristics. *Euphytica* 32:377-385.
- GOWER, J. 1967. A comparison of some methods of cluster analysis. *Biometrics* 23:623-637.
- IPGRI. 1995. Molecular genetic techniques for plant genetic resources. Report of IPGRI Workshop, Roma Italy, 9-11 October. Eds. W. Ayad; T. Hodgkin; A. Janadat; V. Rao. 137 p.
- KARP, A.; SKRESOVICH; BHAT, K.; AYAD, W.; HODGKIN, T. 1997. Molecular tools in plant genetic resources conservation: a guide to the technologies. IPGRI Technical Bulletin, No. 2. 47 p.
- KENDALL, M. & STUART, A. 1979. The advanced theory of statistics. Volumen 2, New York: Macmillan Publishing Company, Inc. s.n.t.
- LEAKEY, C.L. 1988. Genotypic and phenotypic markers in common bean. Genetic resources of *Pasheolus* beans. In: Paul Gets Ed. Dordrecht, Holland. Kluwer Academic Publishers. pp. 245-327.
- NATIONAL RESEARCH COUNCIL (NRC), 1989. Lost crops of the Incas. National Academy Press. Washington, USA. Pp. 181-190.
- ORTEGA, R. & PALACIOS, J. 1995. Efecto del tiempo de remojo, cocción y lavado sobre el contenido de alcaloides y proteína en chocho (*Lupinus mutabilis* Sweet). Tesis de Grado Ingeniero Agrónomo. Universidad Técnica de Ambato. Ambato, Ecuador. 66 p.
- RIVERA, M.; PINZÓN, J.; CAICEDO, C.; MURILLO, A.; MAZÓN, N. Y PERALTA, E. 1998. Catálogo del banco de germoplasma de chocho (*Lupinus mutabilis* Sweet) y otras especies de lupinus. INIAP. Quito, Ecuador. 47 p.
- TAPIA, M. 1990. Cultivos andinos subexplotados y su aporte a la alimentación. FAO. Oficina Regional para América Latina y el Caribe. Pp.77-87.
- VELÁSQUEZ, J. 1993. Evaluación agronómica y morfológica de 283 entradas de lupinos (*Lupinus* spp.) del Banco de Germoplasma del INIAP-Ecuador. Tesis de Grado Ingeniero Agrónomo. Universidad de Cuenca. Cuenca, Ecuador. 109 p.
- WARD, Jr. J.H. 1963. Hierarchical grouping to optimize an objective function. *Journal of the American Statistical Association* 58:236-244.
- WOLFF, K. 1988. Natural selection in *Plantago* species: a genetical analysis of ecologically relevant morphological variability. Dissertation thesis. University of Grynigen. The Netherlands. s.n.t.