



UNIVERSIDAD
DE LA REPÚBLICA
URUGUAY

Análisis metabolómico y caracterización morfológica de variedades criollas de

Arachis hypogaea

Gastón Martínez Alfonso

Tesis de Maestría

Presentada como uno de los requisitos para el título de

Magíster

Programa de Posgrado en Química de la Facultad de Química

Universidad de la República

Programa de Desarrollo de Ciencias Básicas

09/2023

Análisis metabolómico y caracterización morfológica de variedades criollas de

Arachis hypogaea

Tribunal:

Dr. Guillermo Galván

Dra. Eliana Monteverde

Dr. Guillermo Moyna

Phd. Carmen Rossini, Director

Dra. Magdalena Vaio, Director

Análisis metabolómico y caracterización morfológica de variedades criollas de *Arachis hypogaea*

Gastón Martínez, Mag.

Programa de Posgrado en Química de la Facultad de Química

Universidad de la República

2023

DIRECTOR: Carmen Rossini¹, Magdalena Vaio²

(1. Facultad de Química, 2. Facultad de Agronomía)

El maní (*Arachis hypogaea*) es un cultivo nativo de América del Sur de gran importancia en el mundo por ser un alimento con un elevado contenido de aceites, proteínas, vitaminas y minerales, así como metabolitos secundarios de tipo fenilpropanoide. El cultivo presenta una elevada variabilidad fenotípica, pudiéndose distinguir subespecies y variedades botánicas. Uruguay es parte de uno de los centros de diversidad del maní, correspondiente a la región Guaraní. En el país la producción del cultivo se ha desarrollado a partir de variedades criollas adaptadas a las condiciones locales, aun así, los estudios sobre su estado de conservación son escasos. En las últimas décadas ha habido una reducción del cultivo en Uruguay. Para este trabajo se propuso analizar la variabilidad fenotípica (morfológica y de metabolitos secundarios) de las variedades criollas de maní que son plantadas por productores familiares en la actualidad. Para la caracterización morfológica se utilizaron descriptores sugeridos en manuales internacionales, y para la caracterización metabolómica se estudió la variabilidad química de extractos focalizados en compuestos de tipo fenilpropanoide, analizando los espectros de Resonancia Magnética Nuclear de ¹H. Se determinó que hay diversidad fenotípica entre las distintas variedades criollas y también dentro de cada variedad. Hubo diferencias significativas entre las variedades criollas para 15 de los descriptores morfológicos. Las características morfológicas que no presentaron diferencias significativas son aquellas relacionadas a la pertenencia de todas las plantas a la

subespecie *fastigiata*, para la cual Uruguay es considerado un centro de diversidad. Los resultados muestran que descriptores de vaina y granos permiten distinguir los tipos agronómicos Español y Valencia en variedades criollas de Uruguay. Se determinó que los extractos de las distintas variedades criollas presentaron perfiles de compuestos que no pueden ser discriminados con modelos generados con análisis multivariados (PLS-DA y Random Forest) utilizando como variable de clasificación la variedad de las semillas, lo que indicaría la presencia de compuestos similares en las distintas variedades.

Metabolomic analysis and morphological characterization of landraces of *Arachis hypogaea*

Gastón Martínez, Mag.

Graduate Program in Chemistry, Facultad de Química Universidad de la República

2023

Directoras: Carmen Rossini, PhD

Dra. Magdalena Vaio

(1. Facultad de Química, 2. Facultad de Agronomía)

Peanut (*Arachis hypogaea*) is a crop native to South America of great worldwide importance due to its high content of oils, proteins, vitamins, minerals, and secondary metabolites known as phenylpropanoid compounds. This crop exhibits significant phenotypic variability, allowing the distinction of various subspecies and botanical varieties. Uruguay belongs to one of the centers of peanut diversity, corresponding to the Guaraní region. In the country, crop production has developed from landrace varieties adapted to local conditions; however, studies on their conservation status are scarce. In recent decades, there has been a reduction in peanut cultivation in Uruguay.

This study aimed to analyze the phenotypic variability (morphological and secondary metabolite traits) of the local landrace peanut varieties currently grown by small-scale farmers. Morphological characterization employed descriptors recommended in international manuals, while metabolomic characterization focused on the chemical variability of extracts containing phenylpropanoid compounds, analyzed through ¹H nuclear magnetic resonance spectroscopy. It was determined that there is phenotypic diversity among the different landrace varieties and even within each variety.

Significant differences were observed among the landrace varieties for 15 morphological descriptors. Morphological characteristics that did not show significant differences are those

related to the fact that all plants belong to the *fastigiata* subspecies, for which Uruguay is considered a center of diversity. The results demonstrate that descriptors related to pod and seed traits allow for the distinction between the agronomic types Spanish and Valencia within Uruguayan landrace varieties.

Furthermore, it was determined that the extracts from different landrace varieties exhibited compound profiles that cannot be discriminated by multivariate analysis (PLS-DA and Random Forest) using seed variety as the classification variable. This suggests the presence of similar compounds across different landrace varieties.

Tabla de contenido

INTRODUCCIÓN.....	1
El género <i>Arachis</i>	1
Centro de origen de <i>Arachis hypogaea</i> , el maní.....	3
Importancia económica del cultivo de maní.....	5
Subespecies y variedades de <i>Arachis hypogaea</i>	6
Características de las variedades criollas	7
Caracterización de las variedades botánicas y de los tipos agronómicos de maní	8
Metabolitos secundarios en el maní	9
Cultivo de maní en Uruguay.....	11
OBJETIVOS GENERALES Y ESPECÍFICOS	13
MATERIALES Y MÉTODOS	14
Caracterización morfológica.....	14
Colecta de semillas.....	14
Producción de plantas en forma controlada a partir de semillas colectadas	15
Descriptores utilizados en la caracterización morfológica.....	15
Descriptores morfológicos	18
Análisis estadísticos sobre variables morfológicas:.....	26
Relación entre descriptores y tipos agronómicos.....	27
Clasificación de la totalidad de las plantas del ensayo	28
Elección de variedades criollas para análisis metabolómico	29
Caracterización Química.....	29

Procesamiento de datos de análisis metabólicos	30
Análisis estadísticos sobre datos de RMN:.....	30
RESULTADOS	32
Caracterización morfológica.....	32
Caracterización a partir de descriptores pre-cosecha	32
Descriptores post-cosecha.....	37
Relación entre descriptores y tipos agronómicos	42
Clasificación de la totalidad de las plantas del ensayo.....	46
Análisis multivariado y selección de variedades criollas para la caracterización metabólica.....	48
Caracterización metabólica.....	51
Análisis de la diversidad entre las variedades criollas.....	52
Análisis de la diversidad entre los distintos tipos agronómicos.....	56
Análisis de la diversidad para las dos variedades criollas que presentaron plantas de tipo Español y Valencia.....	59
Análisis de la diversidad entre plantas genotípicamente diferentes.....	61
DISCUSIÓN.....	65
Caracterización morfológica a nivel de subespecie del maní plantado actualmente en Uruguay.....	65
Tipos agronómicos de maní plantado en Uruguay en la actualidad	65
Diversidad de las variedades criollas plantadas actualmente en Uruguay	68
¿Todas las zonas de colecta presentaron la misma diversidad?.....	69
Análisis metabólico.....	69
BIBLIOGRAFÍA	72
ANEXOS	91

ANEXO 1: Scripts de R utilizados en el análisis de los datos obtenidos de la caracterización morfológica.....	91
ANEXO 2: Comparaciones por Tukey para descriptores cuantitativos	93
ANEXO 3: Plantas caracterizadas en el genotipado	95
ANEXO 4: Clasificación de todas las plantas del ensayo en variedades agronómicas.....	106
ANEXO 5: Caracterización metabólica	144
Análisis de la diversidad entre las plantas de las únicas dos variedades criollas que presentan tanto plantas de tipo Español como de tipo Valencia.....	144
Análisis de la diversidad entre plantas genéticamente diferentes.....	144
Heatmaps para los diferentes análisis realizados.....	145

Lista de Abreviaturas:

Afolíolo: Ancho de folíolo

ANOVA: Análisis de varianza

AP: Ancho de la planta

AV: Ancho de vaina

CG: Color de grano

Est: Estrangulamiento de vaina

FAO: Organización de las Naciones Unidas para la Alimentación y la Agricultura

HP: Altura de la planta

H-RMN: Resonancia Magnética Nuclear de Protón

LV: Largo de vaina

NdE: Número de días hasta emergencia

NGV: Número de granos por vaina

NR1: Número de ramas primarias

OOB: error fuera de la bolsa

PCA: Análisis de componentes principales

Pflor: Presencia de flores en el eje principal

PLS-DA: Análisis discriminante de mínimos cuadrados parciales

PPV: Peso promedio de vaina

Pun: Punta de vaina

PV: Peso de vaina

P10G: Peso de 10 granos

Ret: Reticulación de la vaina

SNPs: Polimorfismo de Nucleótido Único

Subsp: Sub-especie

Sup: Superficie del eje principal

Tram: Tipo de ramificación

Var: Variedad

Lista de Tablas y Figuras:

Tabla 1: Accesiones; Tipos Agronómicos, Localidades y Departamentos de Uruguay donde se realizaron colectas de variedades criollas de *Arachis hypogaea*.

Tabla 2: Descriptores seleccionados para la caracterización morfológica de las plantas de maní.

Tabla 3: Estados fenológicos de las plantas de maní (adaptado de Giayetto, 2017) utilizados en este trabajo.

Tabla 4: Plantas de las variedades criollas de maní clasificadas en tipos agronómicos según un análisis genotípico (Naya 2023) y aquellas que fueron caracterizadas químicamente.

Tabla 5: Valores de las medias (m) y desviaciones estándar (sd) de las dieciocho variedades criollas para las variables medidas precosecha.

Tabla 6. Valores de las medias (m) y desviaciones estándar (sd) de las dieciocho variedades criollas para algunas de las variables medidas postcosecha.

Tabla 7: Valores de las medianas (m) y desviaciones estándar (sd) de las dieciocho variedades criollas para algunas de las variables medidas postcosecha.

Tabla 8: Conteo de vainas clasificadas en los distintos niveles para las características prominencia de la punta de vaina, reticulación de la vaina y estrangulamiento de la vaina en función del tipo agronómico (Español o Valencia) en las dieciocho variedades criollas caracterizadas.

Tabla 9: Lista de los descriptores morfológicos cualitativos y cuantitativos utilizados en el Análisis de Componentes Principales.

Tabla 10: Número asignado a las accesiones de variedades criollas utilizadas en la caracterización metabolómica.

Tabla 11: Clave basada en características morfológicas para la clasificación de las variedades criollas de *Arachis hypogaea* subsp. *fastigiata* presentes en Uruguay y pertenecientes al tipo Español y Valencia.

Figura 1: Distribución geográfica de las especies de la sección *Arachis* en América del Sur (Krapovickas & Gregory, 1994).

Figura 2: Taxonomía y tipos agronómicos de *Arachis hypogaea*. Extraído de (Herselman, 2003).

Figura 3: Representación esquemática de la relación entre variedades criollas, líneas puras (LP) y tipos agronómicos de maní.

Figura 4: Principales flavonoides reportados en *Arachis hypogaea*. Adaptado de (Daigle et al., 1983; Reed, 2009).

Figura 5: Tipo de ramificación de las plantas según la disposición de sus ramas vegetativas y reproductivas.

Figura 6: Clasificación del tipo de reticulación de la vaina de maní (extraído de (IBPGR, 1992)).

Figura 7: Clasificación del tipo de punta de la vaina de maní (extraído de (IBPGR, 1992)).

Figura 8: Clasificación del tipo de estrangulamiento de la vaina de maní (extraído de (IBPGR, 1992)).

Figura 9: Gráfico de boxplots mostrando las comparaciones de medias por Tukey entre las dieciocho variedades criollas de maní para distintas características.

Figura 10: Gráfico de asociación entre la característica pilosidad del eje principal y las dieciocho variedades criollas caracterizadas morfológicamente.

Figura 11: Gráfico de boxplots mostrando las comparaciones de medias por Tukey entre las dieciocho variedades criollas de maní para distintas características.

Figura 12: Gráfico de asociación entre la característica color de grano y las dieciocho variedades criollas caracterizadas morfológicamente.

Figura 13: Porcentajes sobre el total para la cantidad de granos y el color de grano registrados por vaina para plantas de tipo Español y Valencia.

Figura 14: Análisis de Componentes Principales de la totalidad de las plantas del ensayo caracterizadas morfológicamente.

Figura 15: Contribución de las distintas variables a las primeras dos componentes principales del análisis multivariado para las dieciocho variedades criollas de maní de Uruguay.

Figura 16: A. Apilado de los espectros de HRMN de los extractos hidroalcohólicos de las semillas de las 45 plantas de maní cosechadas en el ensayo a campo de Facultad de Agronomía.

Figura 17: ANOVA para cada característica detectada en un modelo con variedad criolla como variable de clasificación.

Figura 18: Biplot del Análisis de Componentes Principales para la matriz de datos obtenida a partir de los espectros de H-RMN de los extractos de las semillas de las nueve variedades criollas analizadas.

Figura 19: Biplot de las primeras dos componentes del Análisis Discriminante de Mínimos Cuadrados Parciales (PLS-DA) para la matriz de datos obtenida a partir de los espectros de H-RMN de los extractos de las semillas de las plantas del ensayo, con variedad criolla como variable de clasificación.

Figura 20: T-student para cada característica detectada en un modelo con tipo agronómico como variable de clasificación.

Figura 21: Biplot de las primeras dos componentes del Análisis de Componentes Principales para la matriz de datos obtenida a partir de los espectros de H-RMN de los extractos de las semillas de maní de tipo Español y Valencia.

Figura 22: Biplot de las primeras dos componentes del Análisis Discriminante de Mínimos Cuadrados Parciales para la matriz de datos obtenida a partir de los espectros de H-RMN de los extractos de las semillas de las plantas del ensayo, con tipo agronómico como variable de clasificación.

Figura 23: T-student para cada característica detectada para la matriz de datos obtenida a partir de los espectros de H-RMN de las plantas de las variedades PAXC07 y ARXC08B, con tipo agronómico como variable de clasificación.

Figura 24: Biplot del Análisis de Componentes Principales para la matriz de datos obtenida a partir de los espectros de H-RMN de los extractos de las semillas de las plantas de las variedades PAXC07 y ARXC08B para los tipos agronómicos Español y Valencia.

Figura 25: Biplot de las primeras dos componentes del Análisis Discriminante de Mínimos Cuadrados Parciales para la matriz de datos obtenida a partir de los espectros de H-RMN de los extractos de las semillas de las plantas de las variedades PAXC07 y ARXC08B, con tipo agronómico como variable de clasificación.

Figura 26: Figura del Análisis de Componentes Principales (PCA), extraído de Naya 2023, realizado a partir del genotipado por SNPs de las plantas utilizadas en el ensayo y otras colectadas posteriormente.

Figura 27: T-student para cada característica detectada en un modelo con genotipo como variable de clasificación.

Figura 28: Biplot del Análisis de Componentes Principales para la matriz de datos de los espectros de H-RMN de los extractos de las semillas de las plantas clasificadas en los grupos A y B a partir del análisis de SNPs para los tipos agronómicos Español y Valencia.

Figura 29: Biplot de las primeras dos componentes del Análisis de Mínimos Cuadrados Parciales para la matriz de datos de los espectros de H-RMN de los extractos de las semillas de las plantas clasificadas en los grupos A y B a partir del análisis de SNPs, con tipo agronómico como variable de clasificación.

INTRODUCCIÓN

El género *Arachis*

El género *Arachis* (Fabaceae), nativo de América del Sur, contiene 83 especies agrupadas en nueve secciones taxonómicas (Custodio et al., 2023; Krapovickas & Gregory, 1994; Peñaloza & Valls, 2005; Seijo et al., 2021; Valls et al., 2013; Valls & Simpson, 2005; Valls & Simpson, 2017). Estas se diferencian del resto de las leguminosas por producir frutos subterráneos (geocarpia) y porque sus semillas no germinan a más de un metro de la planta madre (Krapovickas & Gregory, 1994).

Gran parte de las especies del género *Arachis* se encuentran en el territorio brasileño, siendo un gran número de ellas endémicas del país. En Río Grande do Sul, territorio brasileño cercano a nuestro país, se ha cultivado el maní (*Arachis hypogaea*) desde la época de los guaraníes, hace más de dos mil años (Jacobus et al., 1991; Rocha & Valls, 2017). Las semillas de las especies de *Arachis* fueron transportadas por el agua durante las crecientes, por animales y por poblaciones que consumían sus semillas. Esto permitiría explicar su distribución extendida en una proporción considerablemente mayor a la esperada (Krapovickas & Gregory, 1994). A pesar de que la autopolinización es lo normal debido a que son especies autógamas, también hay evidencias de partenogénesis (desarrollo de semillas sin fecundación del óvulo), y ocasionalmente ocurre fecundación cruzada entre individuos ya que las flores son visitadas por insectos polinizadores. Debido a sus características reproductivas, las especies de *Arachis* presentan un flujo génico muy reducido dentro de una misma población y prácticamente inexistente entre poblaciones alejadas (Krapovickas & Gregory, 1994).

Las especies del género se clasifican en diferentes secciones taxonómicas en base a la incompatibilidad de sus cruzamientos y a sus características morfológicas (Halward & Stalker, 1987; Krapovickas & Gregory, 1994; Singh, 1998). En cuanto al grado de incompatibilidad de los cruzamientos, estudios muestran que se relaciona con la reproducción autógama, la reproducción agámica, el hábito fructífero subterráneo y los medios limitados de dispersión de semillas, lo que resulta en una infertilidad significativa en los cruzamientos entre colecciones de la misma especie, mayor infertilidad en cruces entre especies dentro de las secciones, y una infertilidad casi total en cruces entre especies de diferentes secciones (Krapovickas & Gregory,

1994). Se ha determinado que las principales barreras para el cruzamiento entre las especies son la dificultad en la germinación del grano de polen en el estigma de la flor, y en el desarrollo del endosperma (tejido nutricional) en la semilla (Gregory et al., 1980; Halward & Stalker, 1987; Singh, 1998). En cuanto a las características morfológicas, las secciones se pueden diferenciar según el hábito de la planta, la presencia o ausencia de flores en el eje principal, el color del estandarte, el nivel de estrangulamiento y reticulación en los frutos, y en algunos casos la presencia de tallos con función de reproducción vegetativa como estolones o rizomas (Krapovickas et al., 2007). Debido a la incompatibilidad entre las especies y la alta tasa de autopolinización, las especies presentan una distribución en poblaciones de tamaño pequeño y con individuos altamente homocigotas. Dentro de las nueve secciones que integran el género, las cinco más antiguas (*Triseminatae*, *Trirectoides*, *Erectoides*, *Extranervosae* y *Heteranthae*), excepto la sección *Erectoides*, están mucho más aisladas de las secciones restantes y entre sí que las cuatro secciones que se consideran de origen más reciente (*Procumbentes*, *Caulorrhizae*, *Rhizomatosae* y *Arachis*) (Krapovickas et al., 2007). La sección *Arachis* no solo es la más grande en cuanto a especies descritas, sino también la más estudiada, siendo *Arachis hypogaea* una de las especies más reconocidas por su importancia económica como especie domesticada (Borges, 2006). Además, se ha observado que las especies de esta sección tienen una notable capacidad de adaptación por sus características naturales, lo que les permite expandirse hacia nuevos territorios y competir con especies de otras secciones (Krapovickas et al., 2007; Lopes et al., 2011). En la Figura 1 se muestra la distribución en América del Sur de las especies pertenecientes a la sección *Arachis*. La especie del género con la distribución más al sur es *Arachis villosa*, encontrándose en Uruguay, en las provincias de Entre Ríos y Corrientes, Argentina, y en Río Grande del Sur en Brasil (Ferguson et al., 2005).

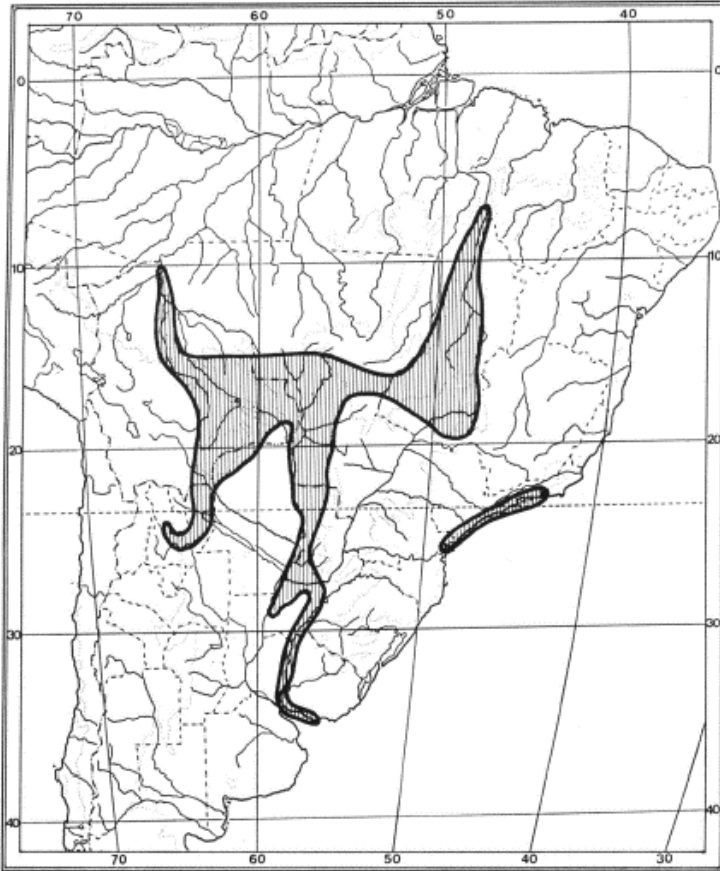


Figura 1: Distribución geográfica de las especies de la sección *Arachis* en América del Sur (Krapovickas & Gregory, 1994).

Centro de origen de *Arachis hypogaea*, el maní

Cuando los españoles y portugueses llegaron a América el maní era ampliamente cultivado por indígenas de distintas zonas del continente, abarcando algunas islas de Centroamérica, territorios de México, la costa de Brasil, las zonas cálidas de Argentina, Bolivia y Paraguay, y gran parte del territorio de Perú (Hammons et al., 2016a; Kochert et al., 1996). El maní fue domesticado previamente a la hegemonía del imperio Inca, y fue ampliamente cultivado por esta civilización (Hammons et al., 2016a). Una de las principales interrogantes sobre *A. hypogaea* ha sido cuál es su centro de origen y cuáles son sus parientes silvestres. Se han sugerido diferentes hipótesis para estas interrogantes, siendo postulado por algunos autores que *A. hypogaea* probablemente haya tenido su centro de origen entre Bolivia y el noreste argentino, donde se distribuye *Arachis monticola*, que es una de las especies más

estudiadas como posible ancestral de *A. hypogaea* (Pereira, 1995; Rao, 1987; Simpson et al., 2001). También se ha sugerido que el origen del maní cultivado y el comienzo del desarrollo del cultivo fue el resultado de la intervención de cazadores/recolectores/cultivadores primitivos, según se deduce de excavaciones en sitios arqueológicos en la costa de Perú. Allí se encontraron cáscaras de maní que se asemejan a las de otras especies silvestres de la misma sección, tales como *A. magna* Krapov., W.C. Gregory y C.E. Simpson, *A. ipaensis* Krapov. y W.C. Gregory, y *A. monticola* Krapov. y Rigoni. Lo anterior también es apoyado con la evidencia de que *A. hypogaea* es un cultivo que no puede subsistir por sí solo en la naturaleza por muchos años, sin la intervención del hombre o de otros animales para su cosecha anual (Simpson et al., 2001). No obstante, se evalúa que es más probable que su origen haya sido más hacia el este de los Andes (Argentina y Bolivia) ya que la mayor humedad y condiciones de esa zona generarían un mejor ambiente para permitir la estabilización del híbrido (Seijo et al., 2007; Simpson et al., 2001).

Otro aspecto que ha sido objeto de estudio es cuáles son los parientes silvestres del maní cultivado. Casi todas las especies de la sección *Arachis* son diploides, pudiendo presentar 6 genomas diferentes, clasificados como A, B, D, F, G o K (Leal-Bertioli et al., 2021; Ortiz et al., 2023), pero el maní cultivado es un alotetraploide (fórmula genómica AABB) (Bertioli et al., 2016; Burow et al., 2009; Tallury et al., 2005). En todo el género solamente hay cuatro especies tetraploides ($2n=40$), dos de la sección *Rhizomatosae*, *Arachis glabrata* (Gregory et al., 1980) y *Arachis pseudovillosa* (Fernández & Krapovickas, 1994) y dos dentro de la sección *Arachis*, *Arachis monticola* y *Arachis hypogaea*. Estas últimas son capaces de formar híbridos fértiles cuando se cruzan entre sí (Borges, 2006, p. 200; García et al., 2014; G. Seijo et al., 2007). Debido a la cercana relación genómica entre ambas especies tetraploides se postula que *A. monticola* es el pariente silvestre más cercano de *A. hypogaea*. Esta hipótesis también está apoyada porque *A. monticola* crece en un área restringida del noreste argentino, en una zona muy cercana al centro de diversidad de las variedades más ancestrales de *A. hypogaea* (Seijo et al., 2007).

Además, se ha postulado que el alotetraploide *Arachis monticola* se originó por hibridación interespecífica entre dos de las especies diploides de la sección, una de genoma A y otra de genoma B y posterior duplicación del genoma. Actualmente, los análisis genómicos sugieren que sus progenitores más probables son *Arachis duranensis* (genoma A) y *Arachis ipaensis* (genoma B) (Bertioli et al., 2016, 2019; Borges, 2006; García et al., 2014; Krapovickas et al., 2007; Lu et al., 2018; G. Seijo

et al., 2007; Simpson et al., 2001). Cómo el maní se trata de un aloploiploide monofilético, se ha sugerido que la hibridación/poliploidización entre *A. duranensis* y *A. ipaensis* fue un evento espontáneo y único, que fue seguido por su domesticación. Esto implica que *A. hypogaea* sufrió un efecto de “cuello de botella” genético como consecuencia de su proceso de domesticación, y aislamiento de sus parientes silvestres diploides más cercanos (Williams, 2022; Yin et al., 2018).

Importancia económica del cultivo de maní

Dentro del género *Arachis*, *A. hypogaea* es claramente la que tiene la mayor relevancia económica, sobre todo por su valor nutricional, aunque otras plantas del género presentan características interesantes a nivel agronómico para ser utilizadas como forrajeras. Tal es el caso de *Arachis glabrata* Bentham de la sección *Rhizomatosae* y *Arachis repens* Handro y *Arachis pintoii* Krapov. & Gregory de la sección *Caulorrhizae* (Argel, 2006; Borges, 2006). Otras especies han sido cultivadas para el consumo alimenticio de sus semillas, pero a una escala considerablemente menor que *A. hypogaea*, como es el caso de *Arachis villosulicarpa* Hoehne de la sección *Extranervosae* y *Arachis stenosperma* Krapov. & W.C. Gregory de la sección *Arachis* (Stalker, 1983, 1997).

Actualmente el maní es la cuarta oleaginosa de mayor producción de grano a nivel mundial (50 millones de toneladas), luego de la soja (383 millones de toneladas), la colza (85 millones de toneladas) y el girasol (50 millones de toneladas). Es un cultivo importante en todos los continentes, siendo Asia el continente de mayor superficie sembrada, seguido de África y Sudamérica (USDA, 2023). Actualmente, el maní es de los cultivos más importantes del mundo por su aceite comestible y por ser una fuente importante de proteína vegetal (Suchoszek-Łukaniuk et al., 2011). Los frutos son el principal elemento consumido de la planta debido a su contenido de proteínas, aminoácidos esenciales, vitaminas y ácidos grasos no saturados (Arya et al., 2016). Los granos de maní son semillas exalbuminadas, que contienen ácidos grasos y proteínas en los cotiledones del embrión, saponinas en el resto del cuerpo del embrión y taninos y pigmentos en la cubierta seminal. Los ácidos grasos no saturados, como el oleico y el linoleico, son los componentes principales de la fracción de materia grasa, en una proporción de 52% y 32% respectivamente (Jimenez-Lopez et al., 2021; Kritchevsky et al., 1973). Además, las plantas de maní presentan flavonoides distribuidos en todos sus órganos, mostrando una elevada concentración en la testa de las semillas (Arya et al., 2016; Shem-Tov et al., 2012).

Subespecies y variedades de *Arachis hypogaea*

Por tratarse de una especie domesticada, el pool genético primario de *Arachis hypogaea* se encuentra integrado por las distintas variedades de maní que son cultivadas y por *Arachis monticola*, su pariente silvestre más cercano (Williams, 2022). En contraste con la creencia de algunos investigadores de que el maní presenta un pool genético reducido, éste muestra una alta variabilidad fenotípica como resultado de los procesos de conservación y selección de semillas de los agricultores. Las poblaciones de *Arachis hypogaea* presentan marcadas variaciones taxonómicas por lo que se subdividen en dos subespecies, y estas a su vez en tipos agronómicos. Asimismo, el maní es clasificado en diferentes tipos comerciales principalmente en relación con la morfología de las vainas y los granos (Gibbons et al., 1972; Pereira, 1995). La clasificación actual del maní es en las dos subespecies: *A. hypogaea* subsp. *hypogaea* y *A. hypogaea* subsp. *fastigiata* Waldron. La primera subespecie puede dividirse en dos variedades: var. *hypogaea* (maní tipo Virginia o Runner) y var. *hirsuta* KOHLER (maní tipo Runner Peruano). La segunda subespecie tiene cuatro variedades: var. *fastigiata* (maní tipo Valencia), var. *vulgaris* Harz (maní tipo Español), var. *aequatoriana* Krapov. and W.C. Gregory y var. *peruviana* Krapov. and W.C. Gregory (Bertioli et al., 2011; Ressler, 1980; Rocha & Valls, 2017). La clasificación de *A. hypogaea* se detalla en la Figura 2.

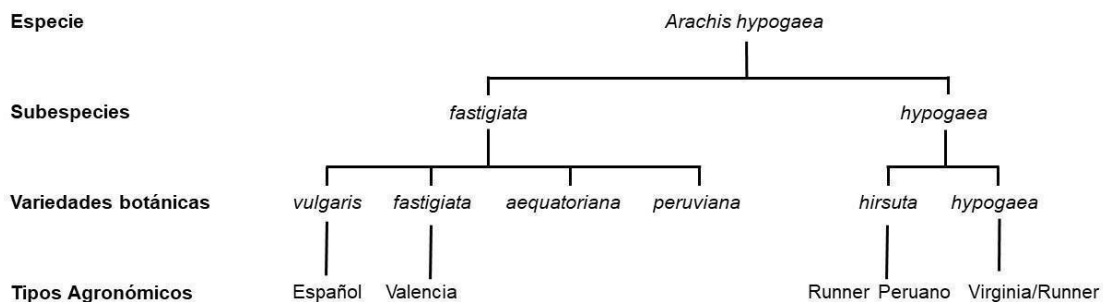


Figura 2: Taxonomía y tipos agronómicos de *Arachis hypogaea*. Extraído de (Herselman, 2003).

Las plantas de tipo Virginia y Runner presentan el eje principal desprovisto de flores e inflorescencias; las ramas vegetativas y reproductivas tienen una alternancia

regular (dos de un tipo y dos del otro); y son de ciclos largos, de 140 a 170 días. Las de tipo Virginia son de porte erecto y de frutos grandes, generalmente con dos semillas de color rosa pálido (pudiendo presentar 3 semillas por vaina); mientras que las de tipo Runner son de porte rastrero con frutos pequeños y dos semillas por vaina de color rosa pálido (Giayetto, 2017; Pereira, 1995; Stalker, 1983; Williams, 2022). Las plantas de tipo Valencia son siempre de porte erecto; poseen flores en el eje principal y este sobrepasa las ramas laterales. No presentan alternancia regular entre ramas reproductivas y vegetativas; las hojas son de un verde más oscuro que las de tipo Español; los frutos son lisos, sin estrangulamiento y pueden contener hasta cinco semillas de color rosa pálido, rojo o moro. Las variedades de este grupo pueden clasificarse entre las más precoces: solo pasan 100 a 120 días desde su siembra a su cosecha (Giayetto, 2017; Pereira, 1995; Stalker, 1983; Williams, 2022). Las de tipo Español, también son de porte erecto, presentan frutos de dos granos, y generalmente son de color rosado pálido o moro, pero también pueden ser rojos. El ciclo vegetativo también es corto, abarcando entre 115 a 125 días (Giayetto, 2017; Pereira, 1995; Stalker, 1983; Williams, 2022). Las variedades *aequatoriana* y *peruviana* presentan frutos con más de dos semillas, reticulaciones muy prominentes en sus vainas y distribuciones geográficas muy restringidas (Bertioli et al., 2011).

Características de las variedades criollas

Las variedades criollas existen desde los orígenes de la agricultura, surgiendo como resultado de la selección de los agricultores, de sus formas de producción y del ambiente en que son cultivadas. En los cultivos cuya producción se desarrolla a nivel familiar, las variedades criollas han sido conservadas y utilizadas por agricultores durante décadas (Villa et al., 2005). Las características principales para definir a las variedades criollas son: su origen histórico, identidad reconocible, alta diversidad genética, adaptación genética local, que no hayan sido mejoradas genéticamente de una manera formal y que estén asociadas con sistemas agrícolas tradicionales (Villa et al., 2005). Este germoplasma tiene valor como elemento cultural e identitario de los agricultores y también como producto comercial, alimento y otros usos en el predio (Galván et al., 2015). También son fundamentales para el mejoramiento como fuente de alelos de resistencia a enfermedades y de tolerancia a factores abióticos por su adaptabilidad al medio donde se cultivan y se conservan (Galván et al., 2015; Valls & Simpson, 2005). Este proceso de conservación se ha ido revirtiendo en las últimas décadas debido a la sustitución de variedades criollas por cultivares de uso extendido o por el abandono de ese cultivo (Berretta et al., 2007). Esta erosión genética ha fomentado programas de conservación *in situ* y *ex situ*, colecta de

germoplasma y el uso de los recursos genéticos locales en diferentes cultivos (Galván et al., 2015).

Las variedades criollas son variedades locales mantenidas por productores, en una localidad, sin selección individual de plantas durante un período suficientemente largo para generar una población con una adaptación local estable pero flexible (Berg, 2009; Zeven, 1998). Como consecuencia de este proceso de selección y conservación de las semillas, y de que las plantas de maní sean autógamias, una variedad criolla puede comprender una sola línea pura (un solo genotipo) o varias líneas puras (Erskine, 1997; Montcho et al., 2021). Las líneas puras que derivan de una variedad criolla pueden corresponder a la misma o a distintas variedades botánicas (presentando gran variabilidad en este último caso) (Figura 3) (Montcho et al., 2021; Ren et al., 2014).

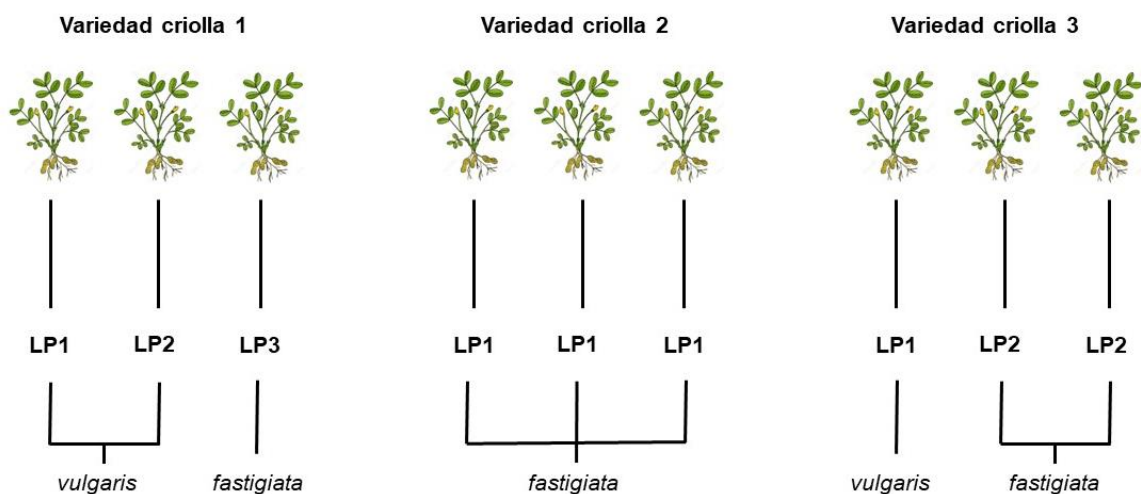


Figura 3: Representación esquemática de la relación entre variedades criollas, líneas puras (LP) y tipos agronómicos de maní. Se muestra cómo una variedad criolla puede estar integrada por una línea pura o por varias líneas puras distintas y cómo estas pueden pertenecer a una misma variedad botánica o no.

Caracterización de las variedades botánicas y de los tipos agronómicos de maní

Las distintas subespecies y variedades de *Arachis hypogaea* presentan caracteres morfológicos marcadamente diferentes, que son utilizados para distinguirlas y caracterizarlas (Giayetto, 2017). Por ello, a partir de la caracterización fenotípica, puede determinarse a qué subespecie y qué tipo agronómico pertenecen las

accesiones colectadas, representativas de diferentes variedades criollas (Ferguson et al., 2004). Por ejemplo, una diferencia importante entre las subsp. *hypogaea* y *fastigiata* es el color de los folíolos, verde oscuro en la primera y verde claro en la segunda. Asimismo, otra diferencia es la presencia de flores en el eje principal en la subsp. *fastigiata* y su ausencia en la subsp. *hypogaea* (Krapovickas & Gregory, 1994; Ressler, 1980).

Cuando se busca caracterizar múltiples plantas de maní en simultáneo es necesario determinar el estado fenológico de las plantas (buscando que sean analizadas en el mismo estadio para poder obtener medidas comparables) (Giayetto, 2017). Se han desarrollado diferentes clasificaciones para describir y delimitar los estados fenológicos de las plantas de maní durante su crecimiento, pero actualmente la de Boote (1982) es la más utilizada (Giayetto, 2017). Al igual que ocurre con otros cultivos, durante el desarrollo de las plantas de maní se distinguen dos fases: una vegetativa (V), seguida de una reproductiva (R). Durante estas fases ocurren determinados eventos morfológicos, observables a simple vista, que permiten distinguir el estadio en el que se encuentran las plantas. Cuando se trabaja con poblaciones en lugar de individuos aislados, se considera que se alcanza una etapa cuando el 50% de las plantas muestreadas presentan el número de nódulos especificado o tienen una o más flores, clavos, vainas o semillas que exhiben el rasgo especificado. Estas etapas se pueden aplicar a los diferentes tipos agronómicos de maní (Boote, 1982; Giayetto, 2017).

Metabolitos secundarios en el maní

El maní ha sido utilizado desde la antigüedad con fines alimenticios, religiosos y medicinales (Bonku & Yu, 2020; Hammons et al., 2016b; Suchoszek-Łukaniuk et al., 2011). Se le han atribuido beneficios en la reducción de enfermedades cardíacas y en algunos países se ha utilizado en el tratamiento de afecciones como la bronquitis, la diabetes, hemorragias crónicas y dislipemias, entre otras (Suchoszek-Łukaniuk et al., 2011). Asimismo, los metabolitos secundarios responsables de las actividades biológicas de las especies de *Arachis* han sido largamente estudiados (revisado por Lopes et al., 2011).

Los derivados de fenilpropanoides, principalmente estilbenos y flavonoides, son los metabolitos secundarios más comúnmente descritos en diferentes especies de *Arachis*. Otros compuestos incluyen alcaloides, ácidos grasos, ácidos derivados del benzoico y del cinámico y fitoesteroides. Los estilbenos, que contienen unidades C6 – C2 – C6 en su estructura, han sido un tema de profusa investigación por sus características estructurales y la diversidad de actividades biológicas reportadas. En las especies de *Arachis* se ha reportado por ejemplo el resveratrol con actividad

cardioprotectora, propiedades quimiopreventivas y antitumorales (Waffo-Tégou et al., 2013).

Para *Arachis hypogaea* se han reportado diferentes flavonoides y estilbenos, sobre todo en las partes subterráneas de la planta (Ullah et al., 2019), y en particular, en la cáscara de sus semillas (Lou et al., 2004; Reed, 2009; Sales & Resurreccion, 2010; Shem-Tov et al., 2012).

Este es el caso del resveratrol (Figura 4) que se encuentra en varias partes de la planta, pero en mayor concentración en la testa de las semillas (Akram et al., 2018). Otros flavonoides reportados en el maní son la quercetina, ramnetina e isoharmetina (Figura 4) conjugados a diferentes glucósidos (Daigle et al., 1983; Sobolev et al., 2008). También se han reportado en menores concentraciones los siguientes flavonoides: campferol, persicogenina, isosakuranetina, cajaflavanona, sakuranetina, escutelarina, luteona y derivados de epicatequinas y procianidinas (Lou et al., 2004; Ullah et al., 2019).

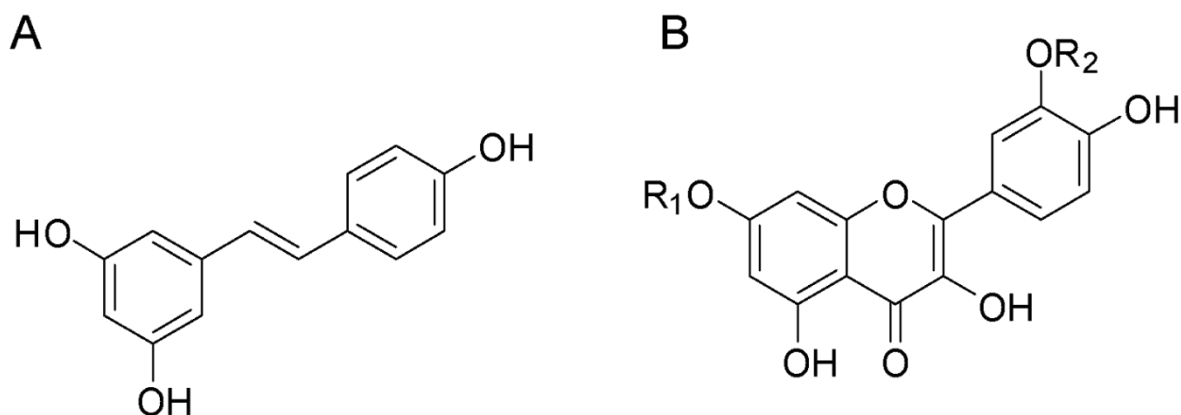


Figura 4: Principales flavonoides reportados en *Arachis hypogaea*. A: estructura del resveratrol. B: estructura de: $R_1=R_2=H$: quercetina, $R_2=H$; $R_1=CH_3$: ramnetina y $R_1=H$; $R_2=CH_3$: isoramnetina. Adaptado de (Daigle et al., 1983; Reed, 2009).

Trabajos realizados con un enfoque analítico del tipo metabolómico direccionado (enfocado a la caracterización de este tipo de compuestos) se han realizado por ejemplo para la tipificación de huellas digitales metabólicas (*metabolic fingerprinting*) basados en el contenido de estilbenoides en especies de *Polygonum* (Polygonaceae) por resonancia magnética de protón (H-RMN) (Frédérich et al., 2011) y en *Triticum aestivum* (Poaceae) (Barros Santos et al., 2019), especies de *Vanilla* (Orchidaceae)

(Busconi et al., 2017) y *Vitis* (Vitaceae) (Billet et al., 2018; Řezanka et al., 2018) por cromatografía líquida acoplada a espectrometría de masas.

En los trabajos con *Arachis hypogaea* se han utilizado técnicas espectroscópicas, colorimétricas y cromatográficas (Reed, 2009; Sales & Resurreccion, 2010; Shem-Tov et al., 2012; Ullah et al., 2019; Wang et al., 2008) y algunos autores han trabajado en la elucidación estructural de flavonoides de *A. hypogaea* por H-RMN, con compuestos previamente aislados (Lou et al., 2004). Aunque en algunos trabajos se comparó la capacidad antioxidante (asociada a flavonoides) de distintas variedades agronómicas de maní (Shem-Tov et al., 2012), son muy pocos los trabajos donde se estudió la variabilidad química de fenilpropanoides entre dichas variedades. Asimismo, se han reportado diferencias entre distintos tipos agronómicos de maní en relación a los flavonoides que presentan y a sus concentraciones, pero en casos como el de Valencia y Runner, que son tipos agronómicos asociados a variedades de maní que pertenecen a distintas subespecies (Chukwumah et al., 2012).

Otros trabajos han caracterizado el contenido total de flavonoides de diferentes variedades criollas (Hou et al., 2017), pero no hay trabajos que estudien la variabilidad química de fenilpropanoides en las variedades criollas de *A. hypogaea*. Conocer la diversidad de flavonoides entre las variedades criollas de maní, sería útil para su uso y como otro criterio para la selección de materiales a conservar.

Cultivo de maní en Uruguay

Uruguay es centro de diversidad secundario de *Arachis hypogaea* subespecie *fastigiata*, cuyas variedades criollas son cultivadas por productores familiares como una actividad familiar y de forma manual (Pereira, 1995; Rocha & Valls, 2017). Hasta fines de la década del 70 se plantaba una alta proporción de maní de tipo Español por su uso en las aceiteras del país, que producían aceite a base de girasol, y de maní en bajas proporciones. A partir de 1980, la mayoría del maní plantado en Uruguay pasó a ser de tipo Valencia, ocupando entre 85% y 90% de la producción local, mientras que, el maní de tipo Español pasó a ocupar del 10% al 15% restante (Pereira, 1995). Entre 1970 y 1980 disminuyó considerablemente el número de productores que plantaban maní en Uruguay y el número de hectáreas plantadas con este cultivo (MGAP, 1973, 1983). En las décadas posteriores siguieron desapareciendo los predios donde se cultivaba maní, registrándose en 2011 que solo había 68 hectáreas plantadas en todo el país (MGAP, 2013).

El maní es cultivado principalmente en la región noreste del país (Cerro Largo, Artigas, Rivera y Tacuarembó), y noroeste (Paysandú), zonas donde se desarrolla la agricultura a nivel familiar, con una tradición en el cultivo ligada a la presencia de las industrias aceiteras (Barreto Mendizábal, 2014; Millot & Cairús, 1985; Pereira,

1995). La producción de maní se adapta muy bien a esta región debido a que es un cultivo tolerante a las sequías y que requiere de mano de obra para su producción. Además, esta región presenta una gran diversidad de suelos, entre ellos los arenosos, a los cuales el cultivo está adaptado (Barreto Mendizábal, 2014; Millot & Cairús, 1985; Pereira, 1995).

Existen registros de cultivos de maní en Uruguay por las poblaciones indígenas en los siglos dieciocho y diecinueve (López Mazz et al., 2014), pero se conoce que el cultivo ha sido utilizado por los pobladores locales desde fechas anteriores, ya que un trabajo reciente para la región sur de Brasil refiere a su introducción por los Guaraníes hace por lo menos 2000 años (Rocha & Valls, 2017). En Uruguay se encontraron restos arqueológicos - que datan de 5000 años A.P. - que apoyan el uso del maní por los indígenas en la región de las tierras bajas de la cuenca de la Laguna Merín (del Puerto & Campos, 1999; Iriarte et al., 2001). En esta zona se dio una gran modificación del paisaje, ya que allí se encuentran miles de cerritos de indios (estructuras monticulares construidas de hasta 7 metros) (del Puerto & Campos, 1999).

Las investigaciones en maní en Uruguay comenzaron en 1970 con el objetivo de conocer las limitantes agronómicas del cultivo. Posteriormente, fueron retomadas en los '80 por la Facultad de Agronomía (Millot & Cairús, 1985) colectándose variedades criollas que estaban en manos de productores familiares para caracterizarlas y conservarlas. Esto permitió incorporar 258 variedades criollas al Banco de Germoplasma URY00 de la Facultad de Agronomía de la Universidad de la República, y también enviar muestras a otros bancos de germoplasma internacionales como los del INTA en Argentina, CENARGEN-EMBRAPA en Brasil, el USDA-GRIN en Estados Unidos y el ICRISAT en India. De estas variedades criollas, 50 fueron caracterizadas fenotípicamente detectándose alta variabilidad en rendimiento, tamaño, forma y número de semillas por fruto, color y tamaño de granos, y resistencia a enfermedades, entre otros (Alza et al., 1989; Cuchman & Peñalva, 1989; Millot & Cairús, 1985; Pereira, 1995).

El segundo informe país a la FAO sobre el estado de los recursos fitogenéticos para la alimentación y la agricultura recomendaba monitorear, regenerar y realizar nuevas colectas que permitieran recuperar los materiales más comprometidos (Berretta et al., 2007). Sin embargo, no se realizaron nuevas colectas, los informes son escasos y parciales por lo que no se conocía lo que es plantado actualmente y por tanto la variabilidad genética y fenotípica con la que contamos, así como su estado de conservación. No obstante, en los últimos años parece haber una mayor preocupación por las variedades criollas, probablemente por una mayor formación en el tema de los técnicos y por una participación de organizaciones relacionadas al

cuidado del medio ambiente (Berretta et al., 2007a). En este contexto es que surge el proyecto de investigación Fundamental del Fondo Clemente Estable (ANII): “Nuestro maní nativo: diversidad genética y estado de conservación de *Arachis hypogaea* y *Arachis villosa* en Uruguay” cuyo objetivo principal es caracterizar desde el punto de vista morfológico, genético y etnobotánico las variedades criollas de Uruguay (FCE 156158, 2019).

OBJETIVOS GENERALES Y ESPECÍFICOS

Este trabajo tiene como objetivo general conocer la variabilidad fenotípica (morfológica y de metabolitos secundarios) de las variedades criollas de maní de Uruguay que son conservadas por los productores en la actualidad.

Objetivos específicos:

- 1. Caracterizar morfológicamente las variedades criollas que son conservadas actualmente por los productores.**
- 2. Estudiar la relación entre algunos descriptores y los tipos agronómicos**
- 3. Seleccionar las variedades criollas de acuerdo con su diversidad para evaluar sus perfiles metabolómicos**
- 4. Caracterizar metabolómicamente las variedades criollas que sean seleccionadas, enfocando en los compuestos de tipo fenilpropanoide.**

MATERIALES Y MÉTODOS

Caracterización morfológica

Colecta de semillas

En el marco del proyecto de investigación Fundamental Fondo Clemente Estable: “Nuestro maní nativo: diversidad genética y estado de conservación de *Arachis hypogea* y *Arachis villosa* en Uruguay” se realizaron visitas a casas de productores para coleccionar muestras de las variedades criollas de maní que están siendo cultivadas en Uruguay. Se recorrieron varios departamentos y fueron coleccionadas diferentes variedades criollas de maní. Las variedades criollas utilizadas en este trabajo se muestran en la Tabla 1, al igual que los tipos agronómicos a los que corresponden - basados en datos de Polimorfismo de Nucleótido Único (SNPs) - y las localidades y departamentos donde fueron coleccionadas.

Tabla 1: Acciones; Tipos Agronómicos, Localidades y Departamentos de Uruguay donde se realizaron coleccionas de variedades criollas de *Arachis hypogaea*.

Número de Accesión	Acciones	Tipos Agronómicos	Localidad	Departamento
8737	LAXC01	Valencia	El Chamamé	Lavalleja
8726	RNXC02	Valencia	Algorta	Río Negro
8729	PAXC03	Valencia	Santa Kilda	Paysandú
8734	PAXC04	Valencia	Cerro Chato	Paysandú
8723	PAXC05	Valencia	Cerro Chato	Paysandú
8721	PAXC06	Valencia	Tres Bocas	Paysandú
8722	PAXC07	Valencia/Español	Orgoroso	Paysandú
8736	ARXC08A	Valencia	Bella Unión	Artigas
8725	ARXC08B	Valencia/Español	Bella Unión	Artigas
8735	ARXC08C	Valencia	Bella Unión	Artigas

8724	ARXC08D	Valencia	Bella Unión	Artigas
8730	ARXC09	Valencia	Guayuvirá	Artigas
8738	CLXC11	Valencia	Sarandí del Barcelo	Cerro Largo
8732	CLXC12	Valencia	Isidoro Noblía	Cerro Largo
8731	CLXC13	Valencia	Isidoro Noblía	Cerro Largo
8727	CLXC14	Valencia	Isidoro Noblía	Cerro Largo
-	CLXC16	Valencia	San Diego	Cerro Largo
8728	CLXC17	Valencia	Sarandí del Barcelo	Cerro Largo

Producción de plantas en forma controlada a partir de semillas colectadas

Las semillas seleccionadas fueron sembradas a campo en la Facultad de Agronomía (Sayago) para realizar las mediciones morfológicas y para producir las muestras para los análisis químicos. El 30 de noviembre de 2020, se plantaron en 18 parcelas, de 5 metros cada una, las variedades criollas correspondientes a las accesiones indicadas en la Tabla 1. Las parcelas para el ensayo fueron previamente desmalezadas y el suelo enriquecido con tierra compostada, buscando uniformizar las condiciones para el desarrollo de las plantas. En cada parcela se plantaron 50 semillas, luego se realizó un raleo para completar una densidad de 5 plantas por metro. Los individuos del borde no se consideraron para la evaluación. Las plantas del ensayo fueron cuidadas y mantenidas durante el ciclo de vida del cultivo, comprendido entre los meses de octubre y mayo. Finalmente, del total de las plantas que germinaron, se analizaron 10 por cada parcela.

Descriptorios utilizados en la caracterización morfológica

Para la caracterización morfológica se siguieron los protocolos propuestos por (IBPGR, 1992). Se seleccionaron 24 descriptorios morfológicos para la evaluación de las variedades criollas, considerando aquellos sugeridos en la bibliografía (Alza et al., 1989; Cuchman & Peñalva, 1989; IBPGR, 1992; VEIGA et al., 1986). Se priorizaron descriptorios que permitieran distinguir a nivel de subespecie, y, sobre todo, a nivel de variedades. El resumen de los descriptorios seleccionados (pre y post

cosecha) y el tipo de variable para cada uno (cuantitativa o cualitativa) se muestran en la tabla 2.

Tabla 2: Descriptores seleccionados para la caracterización morfológica de las plantas de maní.

Descriptores pre-cosecha	Tipo de Variable	Descriptores postcosecha	Tipo de Variable
Número de días hasta emergencia de la planta	Cuantitativa	Peso de 10 granos	Cuantitativa
Número de días hasta floración de un 50% de las plantas	Cuantitativa	Peso promedio de vaina	Cuantitativa
Hábito de crecimiento	Cualitativa	Longitud de la vaina	Cualitativa
Flores en el tallo principal	Cualitativa	Ancho de la vaina	Cualitativa
Tipo de ramificación	Cualitativa	Prominencia de la punta de la vaina	Cualitativa
Número de ramas primarias	Cuantitativa	Reticulación de la vaina	Cualitativa
Número de ramas secundarias	Cuantitativa	Estrangulamiento de la vaina	Cualitativa
Superficie del tallo principal	Cualitativa	Número de granos por vaina	Cuantitativa
Flores por axila	Cuantitativa	Color de grano	Cualitativa
Color del estandarte	Cualitativa		

Color de las hojas	Cualitativa
Altura del tallo principal	Cuantitativa
Ancho de la planta	Cuantitativa
Largo de los folíolos	Cuantitativa
Ancho de los folíolos	Cuantitativa

Durante la caracterización de las plantas se registró su estado fenológico (ver abajo) y presencia de enfermedades. Los descriptores pre cosecha fueron estudiados a campo según la etapa de crecimiento a la que correspondían y los descriptores post cosecha en el período de secado de las vainas de maní.

La clasificación de los estados fenológicos para las plantas de maní se explica en la Tabla 3.

Tabla 3: Estados fenológicos de las plantas de maní (adaptado de Giayetto, 2017) utilizados en este trabajo.

Clave fenológica	Denominación de la etapa	Descripción
VE	Emergencia	Cotiledones cerca de la superficie del suelo y plántula mostrando alguna parte.
VC	Desarrollo de cotiledones	Cotiledones abiertos y horizontales en, por debajo, de la superficie del suelo.
V1	Desarrollo de primera hoja verdadera	Emergencia y crecimiento de la primera hoja verdadera, que se diferencia de los cotiledones por su forma y estructura
Vn	"n" hoja tetrafoliada	Emergencia y crecimiento de las siguientes hojas tetrafoliadas en los sucesivos nudos del eje principal
R1	Aparición de primera flor	Aparición de la primera flor en algún nudo
R2	Inicio de formación de clavo	Se puede observar un clavo elongándose

R3	Inicio de formación de fruto	Un clavo enterrado en el suelo con el extremo (ovario) ensanchando su tamaño
R4	Fruto completamente desarrollado	Un fruto completamente desarrollado, con las dimensiones características del cultivar.
R5	Inicio de formación de semillas	Si se realiza corte transversal a las semillas en formación puede verse agrandamiento de cotiledones
R6	Semilla completamente desarrollada	Un fruto con semillas que llenan las cavidades de éste
R7	Inicio de madurez	Más del 50% de las semillas muestran coloración en el pericarpo
R8	Madurez de cosecha	Inicio del proceso de secado de la planta, que indica el fin del crecimiento
R9	Frutos sobremaduros	Un fruto no dañado mostrando una coloración anaranjada de la testa y/o deterioro del clavo

Descriptorios morfológicos

La medición de los descriptorios se realizó siguiendo las especificaciones detalladas en (IBPGR, 1992); caracterizando las plantas cuando se encontraban en los estados fenológicos estipulados y siguiendo las especificaciones particulares para cada descriptor (detalladas a continuación). Los diferentes descriptorios se midieron en 10 plantas de cada variedad criolla.

1. Número de días hasta emergencia de la planta

Días en que germinan el 50% de las plantas desde la siembra.

2. Número de días hasta floración

Días en que se registra al menos una flor por individuo en el 50% de las plantas desde la emergencia.

3. Hábito de crecimiento

Hábito de crecimiento de las plantas en el período de formación de vainas, es decir, de R3 a R7. El hábito se describió cómo erecto o decumbente.

4. Flores en el tallo principal

Se registra desde floración hasta formación de clavos (R1-R3). Se registra la presencia o ausencia de flores en el eje principal.

5. Tipo de ramificación

Se mide en el período de floración (R1 a R3). Sobre las ramas primarias (n+1) se determina la distribución de los nudos según presenten ramas vegetativas o reproductivas (Figura 5). Se establecen los siguientes tipos de ramificación:

1. Alterna: dos nudos vegetativos seguidos de dos nudos reproductivos, y así sucesivamente.
2. Secuencial: una serie de nudos reproductivos sucesivos en un mismo eje.
3. Irregular, con flores sobre el tallo principal
4. Irregular, sin flores sobre el tallo principal

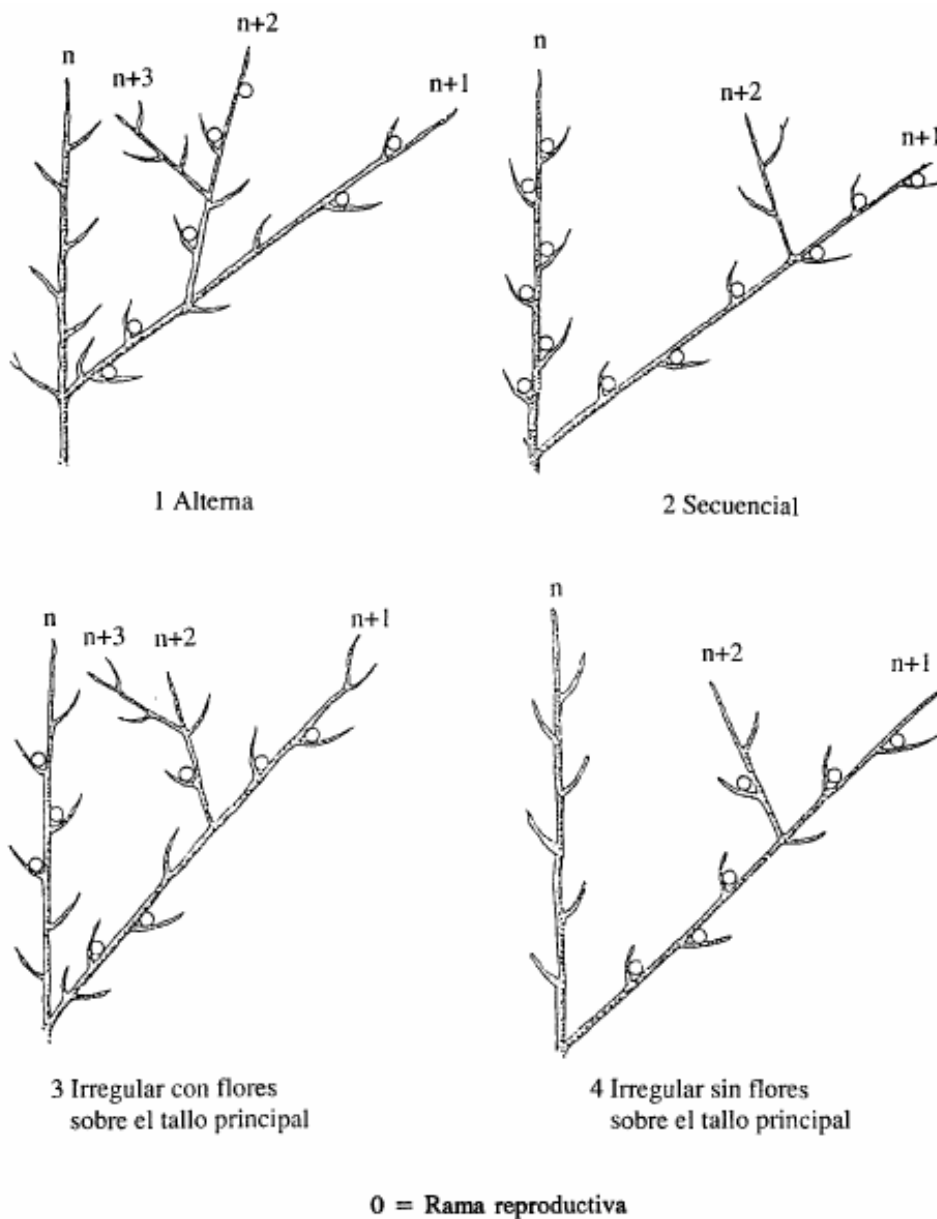


Figura 5: Tipo de ramificación de las plantas según la disposición de sus ramas vegetativas y reproductivas.

6. Número de ramas primarias

Se registra desde que comienza la floración hasta que las plantas empiezan a formar los clavos (R1-R3) y se cuenta el número de ramas primarias (n+1). Ver Figura 5 (tipo de ramificación).

7. Número de ramas secundarias

Se registra desde que comienza la floración hasta que las plantas empiezan a formar los clavos (R1-R3) y se cuenta el número de ramas secundarias (n+2). Ver figura 5 (tipo de ramificación).

8. Superficie del tallo principal

Mide la pilosidad del tallo principal, desde el período de floración en adelante. En el ensayo se midió en R3.

Se puede clasificar en los siguientes niveles:

1. glabro (sin pelos)
2. subglabro (1-2 hileras de pelos)
3. moderadamente peludo (3-4 hileras)
4. peludo (mayormente cubierto de pelos)
5. lanoso (con pelos largos).

9. Flores por axila

Se cuenta el número de flores por axila, es decir, si las flores aparecen como simples o como inflorescencias (más de una flor por axila). Se mide entre R1 y R2.

10. Color del estandarte

Se registra el color de la cara anterior del pétalo en la última flor fresca completamente desarrollada entre R1 y R2. El color es asignado según la tabla de Munsell (Munsell, 2013).

11. Color de las hojas

Se registra el color de la última hoja completamente abierta del eje principal entre R1 y R2. El color es asignado según la tabla de Munsell (Munsell, 2013).

12. Altura del tallo principal

Desde R1 a R2 se mide el eje principal desde la axila cotiledonaria hasta el brote terminal de la planta.

13. Ancho de la planta

El ancho de la planta se mide luego del enclavado (desde R3 a R7) y de ápice a ápice de las ramas primarias opuestas.

14. Largo de los folíolos

Medida del folíolo derecho apical de la tercera hoja del tallo principal, desde la base hasta el ápice. Se mide en R1.

15. Ancho de los folíolos

Medida del folíolo derecho apical de la tercera hoja del tallo principal, en la parte más ancha de la lámina. Se mide en R1.

16. Peso de 10 granos

Se realiza luego de la cosecha, en R8. Se pesan en gramos 10 semillas por planta en una balanza auxiliar.

17. Peso promedio de vaina

Se realiza luego de la cosecha, en R8. Se calcula el promedio del peso de cinco vainas por planta.

18. Longitud de la vaina

Se mide en milímetros el largo de 5 vainas por planta en R8.

19. Ancho de la vaina

Se mide en milímetros el ancho de 5 vainas por planta en R8.

20. Reticulación de la vaina

Se realiza luego de la cosecha, en R8. Se clasifica la reticulación de la vaina en alguna de las siguientes categorías (Figura 6):

1. Sin reticulación (0)
2. Ligera (3)
3. Moderada (5)
4. Prominente (7)
5. Muy prominente (9)

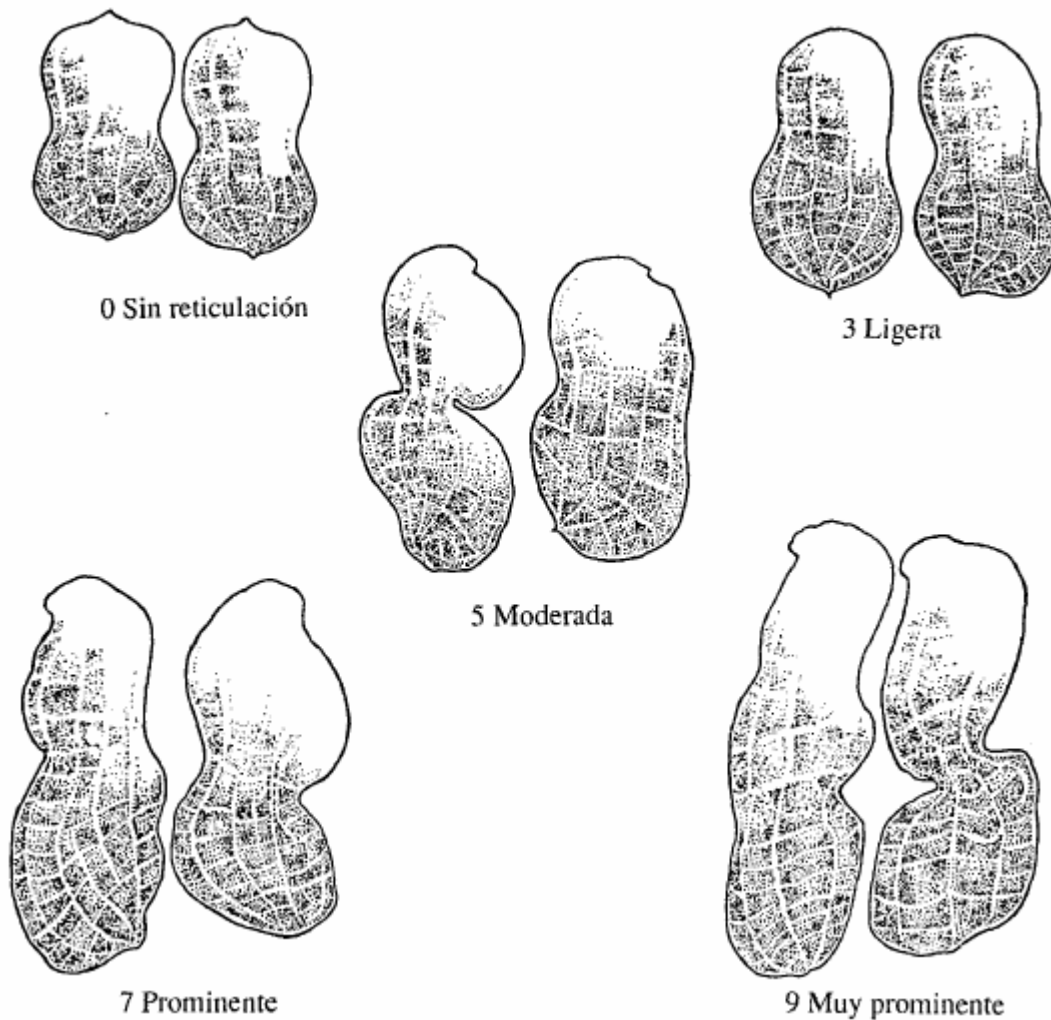


Figura 6: Clasificación del tipo de reticulación de la vaina de maní (extraído de (IBPGR, 1992)).

21. Prominencia de la punta de la vaina

Se realiza luego de la cosecha, en R8. Se clasifica la prominencia de la punta de la vaina en alguna de las siguientes categorías (Figura 7):

1. Sin punta (0)
2. Ligera (3)
3. Moderada (5)
4. Prominente (7)
5. Muy prominente (9)

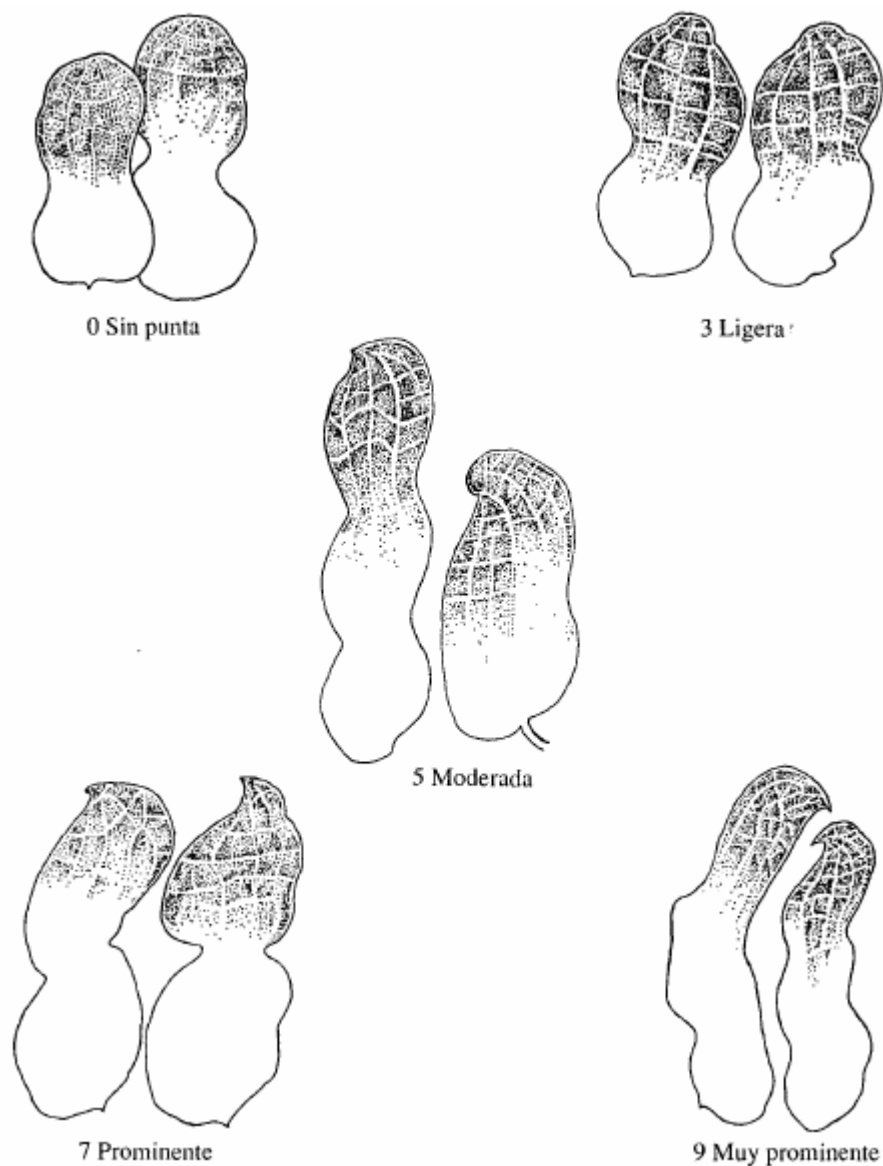


Figura 7: Clasificación del tipo de punta de la vaina de maní (extraído de (IBPGR, 1992)).

22. Estrangulamiento de la vaina

Se realiza luego de la cosecha, en R8. Se clasifica el estrangulamiento de la vaina en alguna de las siguientes categorías (Figura 8):

1. Sin estrangulamiento (0)
2. Ligero (3)
3. Moderado (5)
4. Prominente (7)

5. Muy prominente (9)

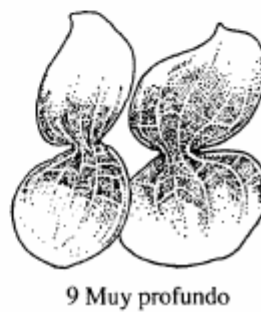
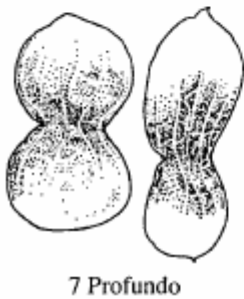
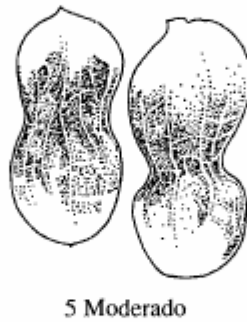


Figura 8: Clasificación del tipo de estrangulamiento de la vaina de maní (extraído de (IBPGR, 1992)).

23. Número de granos por vaina

Se realiza luego de la cosecha, en R8. Se cuenta la cantidad de semillas que contiene cada vaina, en cinco vainas por planta.

24. Color primario de grano

Se realiza luego de la cosecha, en R8. Se clasifican las semillas según el color de su testa. Estos pueden ser:

- Rojo
- Blanco o Rosado
- Moro

Análisis estadísticos sobre variables morfológicas:

Los datos obtenidos fueron analizados estadísticamente mediante análisis univariados y multivariados en el entorno R. Para cada variable se realizaron histogramas para observar la distribución de los datos y pruebas de normalidad para las variables continuas.

Para los análisis univariados se utilizaron los paquetes del entorno R: "datasets", "ggplot2", "dplyr", "FSA", "agricolae". Se realizaron las comparaciones por Tukey con el paquete del entorno R: 'multcompView'. Los scripts utilizados se muestran en el Anexo 1.

Para las variables continuas se realizaron análisis univariados de tipo ANOVA, con un nivel de significancia de 0.05. Se utilizó un ANOVA de una sola vía para aquellos descriptores que presentaban una medida por planta (descriptores cuantitativos precosecha) debido a que este análisis permite determinar la diferencia entre las medias de la variable cuantitativa para cada nivel de la variable independiente categórica (en este caso la variedad criolla).

Para los descriptores cuantitativos que presentaban varias medidas por planta (post cosecha) se utilizó un modelo mixto. Para poder comparar las medidas entre las distintas variedades criollas, se corrió un ANOVA de dos vías con el efecto planta anidado dentro de variedad (factor Planta_V), con un nivel de significancia de 0.05. Se realizaron las comparaciones de medias mediante el método de Tukey.

Para aquellas variables que no presentaron una distribución normal de los datos (Número de ramas primarias, Peso de vaina y Estrangulamiento de vaina), se utilizó la prueba no paramétrica Kruskal-Wallis, con un nivel de significancia de 0.05. Las comparaciones de medias se realizaron mediante la prueba de Bonferroni ya que es un método sencillo para realizar comparaciones múltiples a partir de una prueba no paramétrica.

Para las variables discretas se realizaron los análisis univariados utilizando el modelo de Chi cuadrado de Pearson, con un nivel de significancia de 0.05, ya que es un modelo apropiado para el tratamiento de variables categóricas. Para los descriptores cualitativos ordinales que presentaban varias medidas por planta (post cosecha) se utilizó un modelo con efectos anidados, con el efecto planta anidado dentro de Variedad (factor Planta_V), con un nivel de significancia de 0.05.

Para el análisis multivariado de los datos se realizó un análisis de componentes principales (PCA), utilizando los paquetes "FactoMineR", "factoextra", ggplot2.

Relación entre descriptores y tipos agronómicos

Las variedades criollas que fueron incluidas en los análisis morfológicos fueron también caracterizadas genóticamente mediante SNPs (Naya, 2023). Basado en los análisis de genotipado, las variedades criollas fueron clasificadas en tipos agronómicos (Tabla 4). Los análisis de genotipado fueron realizados desde 1 a 5 plantas por variedad criolla. Basado en esa clasificación previa, se analizó la relación entre el tipo agronómico y algunos de los caracteres morfológicos. Se analizaron el color de grano, la punta, reticulación y estrangulamiento de la vaina y el número de granos por vaina. Se eligieron estos descriptores porque son relevantes en la caracterización de las plantas de maní en tipos agronómicos (Boote, 1982; Giayetto, 2017).

Tabla 4: Plantas de las variedades criollas de maní clasificadas en tipos agronómicos según un análisis genotípico (Naya 2023) y aquellas que fueron caracterizadas químicamente.

Variedad criolla	Nº de planta	Tipo Agronómico (según análisis genotípico)	Caracterizadas químicamente
LAXC01	3,5,6,7	Valencia	SI
RNXC02	5,7,9,10	Valencia	SI
PAXC03	7	Valencia	NO
PAXC04	3,4,5,6,8	Valencia	SI

PAXC05	9	Valencia	NO
PAXC06	1,2,4,8,9	Valencia	SI
PAXC07	2,3,6	Valencia	SI
	1,7	Español	SI
ARXC08A	3,4,8,10	Valencia	SI
ARXC08B		Valencia	SI
	2,3,5,6,7	Español	SI
ARXC08C	7	Valencia	NO
ARXC08D	3	Valencia	NO
ARXC09	2	Español	NO
ARXC09	4	Valencia	NO
CLXC11	10	Valencia	NO
CLXC12	3,5,9,10	Valencia	SI
CLXC13	5	Valencia	NO
CLXC14	1,3,4,5,10	Valencia	SI
CLXC17	7	Valencia	NO

Clasificación de la totalidad de las plantas del ensayo

A partir de los resultados obtenidos en la relación entre algunos descriptores y la variedad agronómica de maní se clasificaron el resto de las plantas de todas las variedades criollas plantadas en el ensayo. Luego de clasificar a todas las plantas se compararon ambas clasificaciones: la realizada por el genotipado de algunas plantas, con la realizada para todas a partir de los datos obtenidos de la primera clasificación. Esto fue utilizado en el proceso de confeccionar una clave que permita clasificar las variedades criollas de maní plantadas en Uruguay.

Elección de variedades criollas para análisis metabólico

A partir de los resultados obtenidos, se eligieron 9 de las 18 variedades para los análisis de metabólica. Para esta selección se consideraron los descriptores que contribuían en mayor proporción a la diversidad explicada por las primeras dos componentes del PCA y se eliminaron variables de alta correlación. Además, se consideró el origen de los materiales con el fin de incluir variedades criollas de distintas localidades y el color de grano por ser el descriptor cualitativo de mayor contribución a la varianza explicada por las primeras dos componentes del PCA. Para las variables cuantitativas seleccionadas se analizaron las comparaciones de medias por Tukey, para determinar cuáles eran las variedades que presentaron mayores diferencias.

Caracterización Química

Se siguió un protocolo basado en reportes previos (Frédérich et al., 2011; Wang et al., 2008) con modificaciones para extraer los compuestos de las semillas de las plantas de maní. Para tipificar la variabilidad química entre variedades criollas en su composición en compuestos del tipo fenilpropanoide y ácidos fenólicos, se trabajó con 5 plantas de cada una de las 9 variedades que mejor representaban la variabilidad. Para cada planta estudiada se utilizó un pool de diez semillas con una masa de aproximadamente 1g cada una. Las semillas fueron almacenadas en el banco de germoplasma de Facultad de Agronomía a 4°C hasta su extracción. Las semillas fueron molidas en un mortero, y de la mezcla del polvo se tomó una alícuota exactamente pesada de 200 mg. Este material fue extraído con 400 mL de hexano para su desgrasado y luego fue filtrado. Al sólido remanente se adicionaron 400 mL de una mezcla metanol/agua 80:20 y se agitó en agitador con pastilla magnética por 12 horas. Se evaporó el solvente a sequedad a vacío en evaporador múltiple (Thermo Scientific Savant SPD1030) con capacidad para 28 tubos. Las muestras se evaporaron en dos tandas de dos horas y media cada una. A los extractos secos se les adicionó 600 μ L de metanol deuterado de Sigma Aldrich, agitando en baño de agua por sonicación por 15 min. Las soluciones obtenidas se trasvasaron a tubos de RMN de 5 mm diam. (NE HL5 7, New Era Enterprises Inc., Vineland, NJ, USA).

Todos los espectros de RMN fueron realizados a 25°C en un espectrómetro de RMN Bruker AVANCE III 500, equipado con una sonda TXI, con gradiente-z, trabajando a frecuencias de ^1H de 500.13 MHz, utilizando la secuencia de supresión de agua de Carr Purcell Meiboom-Gill, con un período de 0.4 ms y un n de 80. Se utilizó un ancho espectral de 10 KHz, un tamaño de datos de 32 K y un total de 128 scans para obtener cada espectro, utilizando un tiempo de relajación de 4 s entre cada escaneo.

Procesamiento de datos de análisis metabólicos

Todos los datos de ^1H -RMN se procesaron primero con MestReNova (versión 11.0, MestreLab Research, S.L., Santiago de Compostela, España). Se realizaron manualmente las correcciones de fase de los espectros y la corrección de la línea de base de forma automática aplicando el suavizado por Wittaker. Los espectros fueron referenciados con el pico residual del solvente (metanol deuterado) a 3.310 ppm, presente en todas las muestras. Luego, los espectros fueron apilados, y se seleccionaron manualmente regiones de alineación. Se recortaron las zonas del espectro por debajo de 0.5 ppm y por encima de 10.0 ppm y se agregó la zona ciega correspondiente a la señal del disolvente (3.30 - 3.32 ppm) para realizar el normalizado por el área espectral total. Luego, los espectros fueron segmentados en intervalos (*bins*) de 0.01 ppm y la matriz de datos obtenida fue exportada como un archivo de texto delimitado por comas (CSV) para utilizarlo en los análisis multivariados. La matriz básica obtenida fue de 946 X 45 muestras. En algunos modelos se trabajó con la matriz de datos obtenida para todo el espectro (0.5 – 10.0 ppm) y en otros solo para la zona del espectro comprendida entre 6.0 y 10.0 ppm, ya que es en esta en la que se espera encontrar los picos de los protones de flavonoides y estilbenos (Friedrich, 1986; Gunther et al., 1980; Pascual et al., 1966).

Análisis estadísticos sobre datos de RMN:

Los análisis estadísticos se realizaron utilizando la plataforma MetaboAnalyst (versión 5.0 de Wishart Research Group de la Universidad de Alberta) (Pang et al., 2021). Para todos los modelos los datos fueron filtrados reemplazando las celdas vacías con un quinto del mínimo valor positivo registrado para cada variable y se eliminaron las variables con al menos un 50% de valores faltantes (Stacklies et al., 2007). Para identificar y remover variables que no aporten información al modelo se utilizó el filtrado por el rango intercuantil (IQR) de los valores (Hackstadt & Hess, 2009). El filtrado se utilizó para eliminar variables donde los valores eran prácticamente constantes para todas las muestras.

Se analizaron los valores atípicos y en la mayoría de los casos no se excluyó ninguna muestra de los análisis. La única excepción fue PAXC04P3, que fue excluida en el análisis centrado en la zona de flavonoides del espectro, con un modelo de dos niveles (Español-Valencia).

Previo a los análisis, todos los datos fueron normalizados según el valor de las masas registrado para cada muestra (Dieterle et al., 2006). Dependiendo de los niveles de los diferentes modelos, también fueron transformados por la raíz cuadrada o la raíz cúbica de los valores y escalados utilizando el factor de *Pareto* o el autoescalado (centrados en sus medias y divididos por la desviación estándar de cada variable), (Craig et al., 2006; Van den Berg et al., 2006) según se indique en los resultados.

Los perfiles químicos se exploraron primero con análisis de clustering de Heatmap y análisis multivariados de componentes principales (PCA) en forma no dirigida. Posteriormente se realizaron análisis adicionales para intentar identificar picos que contribuyan a la diferenciación de muestras por variedades criollas, variedades agronómicas y distancia genotípica utilizando un análisis discriminante de mínimos cuadrados parciales (PLS-DA). En estos modelos supervisados, en el primero se incluyeron nueve niveles como variable de clasificación, correspondientes a las nueve variedades criollas analizadas y en el segundo dos niveles, correspondientes a los dos tipos agronómicos a los que pertenecen las plantas del ensayo (Español y Valencia).

También se realizaron análisis del tipo Random Forest. En este caso, durante la construcción del árbol para el proceso de clasificación, alrededor de un tercio de las instancias quedaron fuera de la muestra de arranque. El llamado error fuera de la bolsa (OOB) se calculó y se utilizó para la estimación de la importancia de las variables, de la precisión (porcentaje de predicciones correctas), del *recall* (porcentaje de clasificación correcta), y de la probabilidad (porcentaje esperado por casualidad).

Los modelos PLS-DA se controlaron mediante pruebas de permutación de 2000 iteraciones que calculan la distancia de separación entre grupos en base a la relación entre la suma de cuadrados entre grupos y la suma de cuadrados dentro de grupos (relación B/W). En los casos en que el valor obtenido en la prueba de permutaciones no sea menor a 0.05, la separación entre grupos obtenida no puede considerarse estadísticamente significativa con un nivel de confianza del 95%. También se realizaron validaciones cruzadas para evaluar si hubo un sobreajuste y para determinar el número de componentes necesarios para construir este tipo de modelo. Luego, se utilizaron las puntuaciones de carga de PLS y de influencia variable en la proyección (VIP) para hacer una selección inicial de picos de interés ($VIP > 1,5$) (Szymańska et al., 2012).

RESULTADOS

Caracterización morfológica

Caracterización a partir de descriptores pre-cosecha

Se analizaron 22 de los 24 descriptores propuestos para la caracterización morfológica. Las características fenológicas número de días hasta emergencia de la planta y número de días hasta floración no fueron incluidos en los análisis por falta de datos. No hubo diferencias entre las dieciocho variedades criollas para los siguientes descriptores: tipo de ramificación, presencia de flores en el tallo principal y hábito de crecimiento. Todas las variedades estudiadas presentaron ramificación irregular; flores en el tallo principal y hábito erecto. Todas las variedades criollas de maní presentaron flores simples y no hubo diferencias significativas para el color del estandarte. Todas las plantas presentaron el estandarte de pigmentación anaranjada (7.5YR 7/10 en tabla de Munsell). Tampoco se encontraron diferencias significativas para el color de las hojas, (todas las plantas presentaron pigmentación de color verde 5 GY 4/6 en tabla de Munsell).

Para el número de ramas primarias (NR1) se encontraron diferencias significativas entre las variedades criollas (Kruskal-Wallis con $p < 0,05$). Las variedades PAXC06, CLXC17 y CLXC12 presentaron valores altos para NR1, y fueron significativamente superiores a CLXC16, CLXC13, ARXCO8C, ARXC08A, CLXC11, PAXC04 y RNXC02 que presentaron valores bajos (Tabla 5). ARXC08A, CLXC11, PAXC04 y RNXC02 fueron las variedades criollas que presentaron los valores promedio más bajos para este descriptor. El resto de las variedades estudiadas presentaron valores intermedios y no se distinguieron de estos dos grupos. ARXCO8B, ARXC09, CLXC12, CLXC14, PAXC03, PAXC05 presentaron una elevada variabilidad interna (Tabla 5).

Para la altura del tallo principal (HP) se encontraron diferencias significativas entre las variedades criollas (ANOVA con $p < 0,05$). PAXC03 fue la variedad criolla que presentó la media más alta para la altura del tallo principal. Esta fue significativamente mayor a los de las otras diecisiete variedades criollas (Tabla 5, Figura 9). Luego de PAXC03, las que presentaron tallos de mayor altura fueron

CLXC14 y PAXC07. Estas variedades criollas presentaron tallos significativamente más altos que ARXC08A, ARXC08B, ARXC08D, PAXC04 y PAXC06 (Tabla 5, Figura 9). ARXC08A fue la variedad criolla que presentó el tallo principal de menor altura. El resto de las variedades criollas estudiadas presentaron valores intermedios entre estos grupos. Algunas variedades como CLXC16, PAXC07 y RNXC02 presentaron una variabilidad interna muy elevada (Tabla 5).

Para el ancho de las plantas (AP) se encontraron diferencias significativas entre las variedades criollas (ANOVA con $p < 0,05$). LAXC01 y PAXC03 fueron las variedades criollas que presentaron los mayores valores de ancho de planta (Tabla 5, Figura 9). LAXC01 presentó plantas de un ancho significativamente mayor a las otras dieciséis variedades criollas (sin incluir en este grupo a PAXC03). ARXC08B y CLXC14 presentaron una media de ancho de planta significativamente mayor que ARXC08D, RNXC02, CLXC13 y PAXC03, que fueron las variedades con menor ancho de planta de las dieciocho estudiadas. Las variedades que no fueron mencionadas presentaron anchos de planta intermedios entre estos dos grupos (Tabla 5, Figura 9). Algunas variedades presentaron una elevada variabilidad interna, como es el caso de PAXC06 con un rango de valores entre 8,25 y 25cm (Tabla 5).

Para el largo de los folíolos se encontraron diferencias significativas entre las variedades criollas (ANOVA con $p < 0,05$). La mayoría de las variedades criollas presentaron valores de medias similares, con excepción de algunas como PAXC06 y CLXC12, con folíolos significativamente más largos que las demás variedades criollas. Las variedades criollas CLXC14, CLXC17 y LAXC01 también presentaron medias de largo de folíolo superiores a la media general. Estas, presentaron largos de folíolo significativamente superiores a ARXC08A, ARXC09B, ARXC08D, ARXC09, CLXC11, CLXC16, PAXC05, RNXC02 y PAXC07. PAXC07 fue la variedad criolla que presentó los folíolos más cortos de las dieciocho estudiadas. Algunas variedades como CLXC13 y CLXC14 presentan una gran variabilidad interna (Tabla 5, Figura 9).

Para el ancho de los folíolos se encontraron diferencias significativas entre las variedades criollas (ANOVA con $p < 0,05$). CLXC12 y PAXC06 fueron las variedades que presentaron las medias de ancho de folíolo más altas y, a la vez, la mayor variabilidad interna entre las dieciocho variedades estudiadas. Luego de estas variedades, CLXC14 fue la que presentó la media de ancho de folíolo más alta. Estas tres variedades presentaron folíolos de un ancho significativamente mayor que ARXC08C, ARXC09 y CLXC11. El resto de las variedades criollas presentaron valores de ancho de folíolo intermedios entre estos dos grupos (Tabla 5, Figura 9).

Tabla 5: Valores de las medias (m) y desviaciones estándar (sd) de las dieciocho variedades criollas para las variables medidas precosecha (todos los valores en centímetros). **NR1:** Número de ramas primarias. **SUP:** Superficie del eje principal. **HP:** Altura de la planta. **AP:** Ancho de la planta. **Lfoliolo:** Largo de foliolo. **Afoliolo:** Ancho de foliolo.

Variedad	NR1		H		AP		Lfoliolo		Afoliolo	
	m	sd	m	sd	m	sd	m	sd	m	sd
ARXC08A	4,67	1,07	7,06	1,42	9,44	5,44	4,12	0,58	2,37	0,340
ARXC08B	5,60	1,76	8,90	1,15	17,3	2,89	4,43	0,746	2,35	0,330
ARXC08C	5,20	1,18	10,2	1,84	14,6	2,00	4,54	0,272	2,18	0,201
ARXC08D	5,30	1,01	7,95	0,97	12,9	3,08	4,21	0,4	2,39	0,269
ARXC09	6,50	2,13	10,4	1,48	15,6	2,31	4,22	0,383	2,1	0,156
CLXC11	4,40	0,926	9,60	1,70	16,0	3,57	4,30	0,601	2,23	0,235
CLXC12	7,30	2,17	9,65	1,13	16,8	4,10	5,42	0,895	2,84	0,402
CLXC13	4,67	0,674	9,33	0,791	13,2	2,58	4,56	0,88	2,53	0,369
CLXC14	5,70	1,50	11,9	1,85	18,7	3,21	4,98	0,814	2,68	0,355
CLXC16	4,60	1,03	9,60	2,61	14,5	3,63	4,37	0,86	2,32	0,385
CLXC17	6,30	1,36	9,25	1,78	16,2	3,45	5,04	0,256	2,6	0,260
LAXC01	5,90	1,31	10,2	1,85	19,9	3,88	4,91	0,588	2,57	0,286
PAXC03	5,80	2,11	13,6	2,05	19,1	2,59	4,56	0,565	2,46	0,272
PAXC04	4,17	1,08	8,25	1,65	13,0	3,16	4,68	0,66	2,4	0,282
PAXC05	5,90	0,953	9,40	2,10	14,6	3,72	4,46	0,561	2,47	0,303
PAXC06	6,50	1,45	8,85	2,26	16,9	5,71	5,26	0,864	2,84	0,537
PAXC07	5,30	1,01	11,1	2,23	17,1	3,87	3,99	0,253	2,34	0,208
RNXC02	4,70	0,909	9,00	1,98	14,0	3,05	4,31	0,586	2,3	0,150

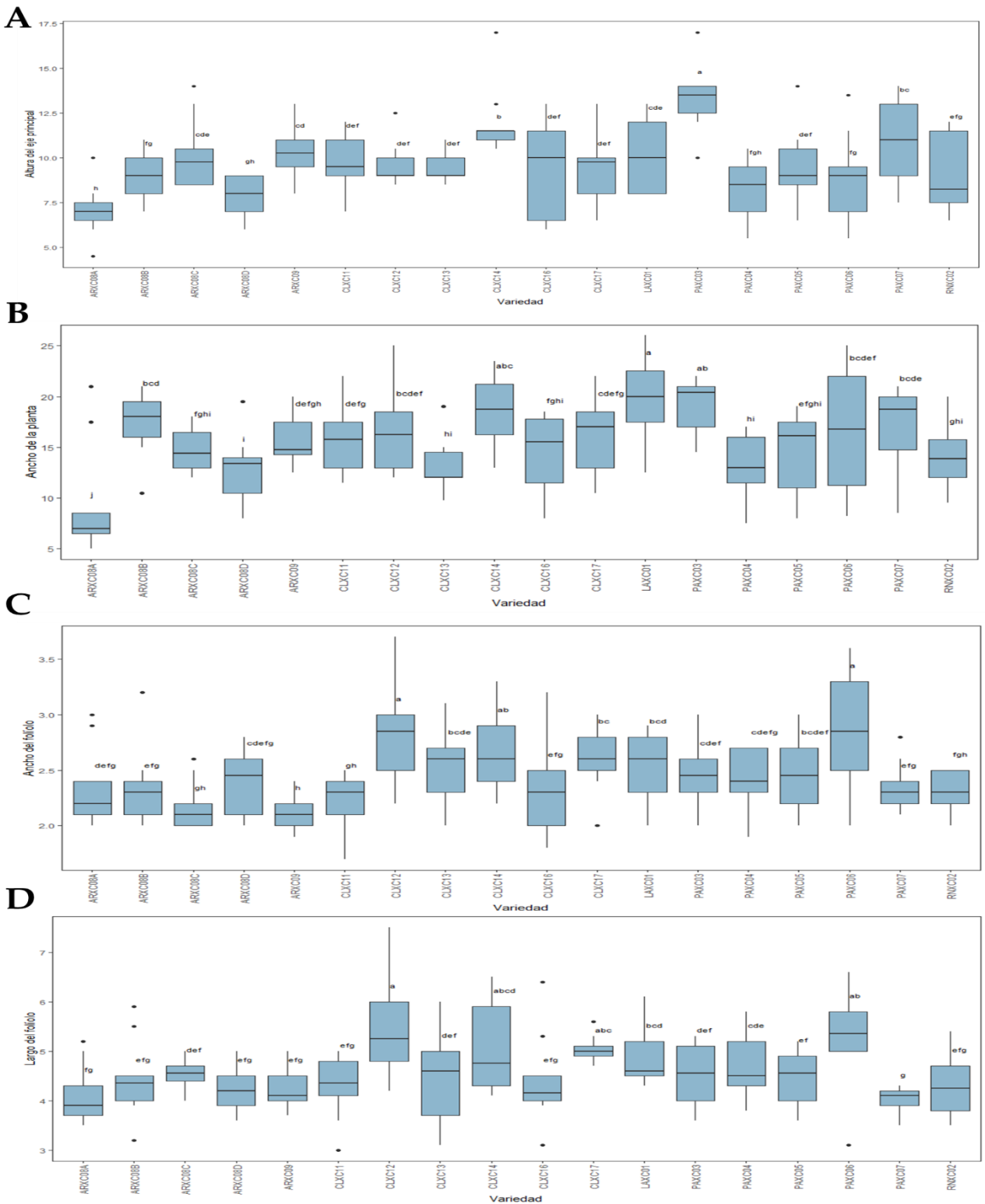


Figura 9: Gráfico de boxplots mostrando las comparaciones de medias por Tukey entre las dieciocho variedades criollas de maní para las siguientes características: **A.**

Altura del eje principal. **B.** Ancho de la planta. **C.** Ancho del folíolo. **D.** Largo del folíolo. Letras diferentes indican diferencias significativas para la característica analizada. Los puntos en el gráfico representan valores outlier.

Para la superficie del tallo principal (SUP) se encontraron diferencias significativas entre las variedades criollas (Chi cuadrado con $p < 0,05$), registrándose 3 de los 5 posibles niveles para este descriptor en las plantas del ensayo. Estos niveles fueron: nivel 1 (tallos glabros), nivel 2 (tallos subglabros) y nivel 3 (tallos moderadamente peludos). La variedad PAXC04 fue la que presentó la menor pilosidad en el tallo principal, y fue significativamente menos pilosa que el resto de las variedades criollas. PAXC03 y CLXC14 fueron las variedades que presentaron la mayor pilosidad en el tallo principal, siendo significativamente más pilosas que las demás variedades criollas (Figura 10). El resto de las variedades estudiadas presentaron una pilosidad intermedia para la superficie del tallo principal, con la mayoría de sus plantas caracterizadas como subglabras (Figura 10).

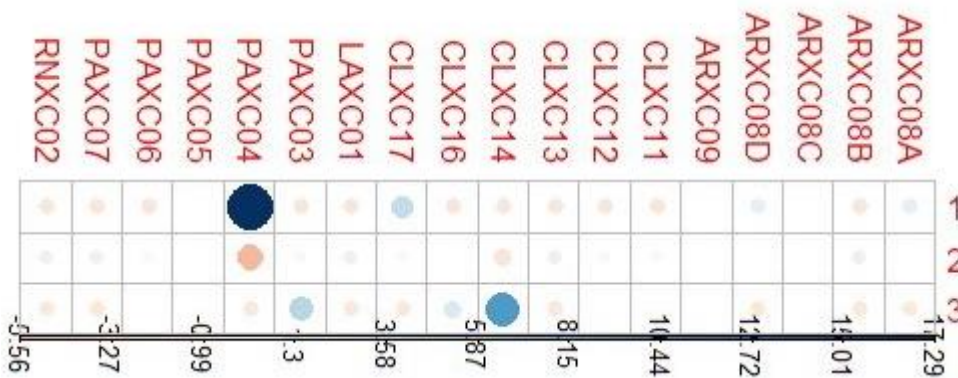


Figura 10: Gráfico de asociación entre la característica pilosidad del eje principal y las dieciocho variedades criollas caracterizadas morfológicamente. Para esta característica se registraron los siguientes niveles: tallos glabros (nivel 1), subglabros (nivel 2) y moderadamente peludos (nivel 3). El tamaño de los círculos es directamente proporcional a la asociación que haya entre la variable y la variedad. Cuando el círculo es de color azul la asociación entre la variedad y el nivel de la categoría es positiva, y cuando el círculo es de color rojo, la asociación es negativa.

Descriptores postcosecha

Para el peso de 10 granos (P10G) se encontraron diferencias significativas entre las variedades criollas (ANOVA con $p < 0,05$). Las variedades que presentaron los valores más elevados para esta característica fueron CLXC12, PAXC05 y PAXC06. Estas, presentaron medias significativamente superiores a las de PAXC04, PAXC07, CLXC17 y RNXC02. El resto de las dieciocho variedades criollas presentaron valores intermedios entre estos dos grupos. Se determinó una alta variabilidad interna para variedades como CLXC17 y CLXC14. Sin embargo, otras como ARXC09D, presentaron muy baja variabilidad interna (Tabla 6, Figura 11).

Para el peso promedio de vaina (PPV) se encontraron diferencias significativas entre las variedades criollas (ANOVA con $p < 0,05$). La mayoría de las variedades criollas presentaron una alta variabilidad interna, con excepción de unas pocas como ARXC09, con promedios de peso de vaina muy similares para todas sus plantas. CLXC12 y PAXC06 presentaron las medias más altas, seguidas por ARXC08A y PAXC05. El peso promedio de vaina para estas cuatro variedades criollas fue significativamente superior al de PAXC07, PAXC04, ARXC08B y ARXC09. Las otras variedades criollas presentaron valores intermedios entre estos dos grupos (Tabla 6, Figura 11).

Para el largo de vaina (LV) se encontraron diferencias significativas entre las variedades criollas (ANOVA con $p < 0,05$). CLXC12 y PAXC06 presentaron los valores de medias más altos (tabla 6), seguidas por ARXC08C, ARXC08D, ARXC09, CLCX11, CLXC13, CLXC17, PAXC03, PAXC05, RNXC02; todas ellas con medias muy similares (mismas letras en las comparaciones por Tukey, ver Tabla 6). CLXC12 y PAXC06 presentaron vainas significativamente más largas que ARXC08B, CLXC14, CLXC16, LAXC01 y PAXC07 (Tabla 6).

Para el ancho de vaina (AV) se encontraron diferencias significativas entre las variedades criollas (ANOVA con $p < 0,05$), y al igual que para largo de vaina, muchas variedades presentaron medias muy similares (mismas letras en las comparaciones por Tukey, ver Tabla 6). PAXC06 y CLXC12 fueron las variedades criollas que presentaron los mayores valores para el ancho de vaina. PAXC06 presentó vainas de un ancho significativamente más alto que PAXC05, CLXC13, CLXC16, PAXC03, PAXC07, ARXC08B, ARXC08D, ARXC09, PAXC04, RNXC02, LAXC01. CLXC12 presentó un ancho de vaina significativamente superior al de RNXC02 y LAXC01, que fueron las variedades con menor ancho de vaina dentro de las dieciocho

estudiadas. CLXC11, ARXC08A, CLXC14, CLXC17, ARXC08C, PAXC05, CLXC13, CLXC16 presentaron valores de ancho de vaina intermedios entre las otras variedades criollas (Tabla 6).

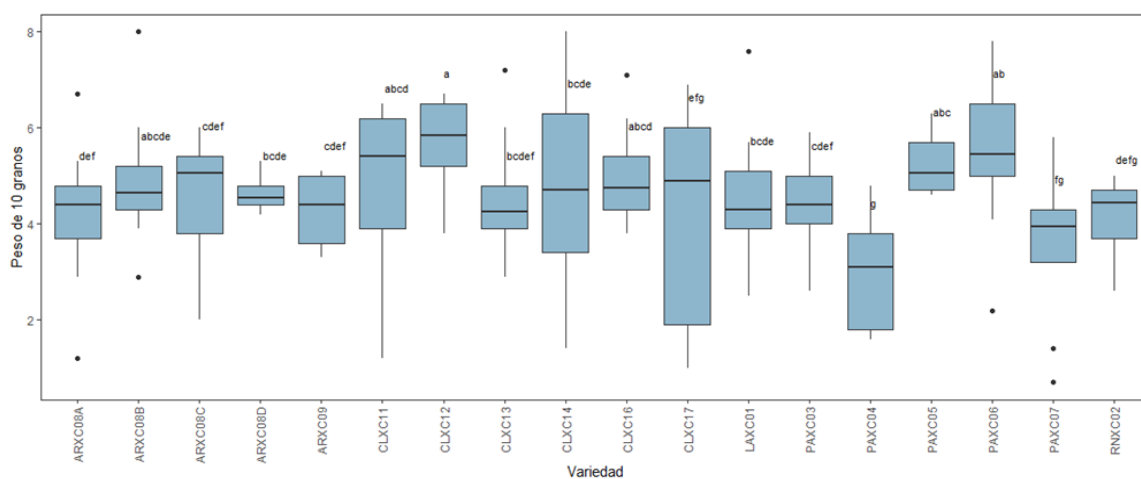
Para el número de granos por vaina (NGV) se encontraron diferencias significativas entre las variedades criollas (ANOVA con $p < 0,05$). PAXC06 fue la variedad que presentó la mayor cantidad de granos por vaina (entre 3 y 4 granos), seguida por CLXC12, ARXC08D, CLXC13 y PAXC05 (3 granos en la mayoría de las vainas). PAXC06, CLXC12, ARXC08D presentaron un número de granos por vaina significativamente superior a ARXC08B y CLXC11 (2 granos en la mayoría de las vainas) (Tabla 6).

Tabla 6. Valores de las medias (m) y desviaciones estándar (sd) de las dieciocho variedades criollas para algunas de las variables medidas postcosecha. **P10G:** Peso de diez granos (g). **PPV:** Peso promedio de vaina (g). **LV:** Largo de la vaina (cm). **AV:** Ancho de la vaina (cm). **NGV:** Número de granos por vaina

Variedad	P10G		PPV		LV		AV		NGV	
	m	sd	m	sd	m	sd	m	sd	m	sd
ARXC08A	4,22	1,47	2,07	0,435	41,2	9,2	14,5	1,52	2,55	0,795
ARXC08B	4,87	1,31	1,52	0,841	32,1	11,4	13,2	1,86	2,08	0,900
ARXC08C	4,53	1,33	1,68	0,310	36,7	8,02	13,8	1,68	2,28	1,04
ARXC08D	4,64	0,348	1,75	0,263	37,8	7,71	13,1	0,765	2,88	0,824
ARXC09	4,32	0,687	1,47	0,252	35,2	7,61	13,0	1,18	2,56	0,712
CLXC11	4,96	1,60	1,78	0,448	39,2	9,22	14,5	1,82	2,02	1,10
CLXC12	5,64	0,976	2,40	0,446	43,0	7,87	14,9	1,27	2,90	0,928
CLXC13	4,58	1,16	1,91	0,563	38,5	9,3	13,7	1,66	2,86	0,729
CLXC14	4,67	2,21	1,60	0,741	34,2	8,72	14,2	1,58	2,19	0,900
CLXC16	4,97	0,994	1,66	0,273	32,6	7,58	13,6	1,09	2,44	0,967
CLXC17	3,97	2,25	1,71	0,526	38,0	9,47	14,1	1,18	2,32	1,15
LAXC01	4,63	1,31	1,62	0,466	32,2	7,8	12,8	3,36	2,36	0,921
PAXC03	4,48	0,912	1,64	0,479	36,5	8,99	13,3	1,39	2,58	1,07

PAXC04	3,02	1,23	1,48	0,365	33,0	7,94	12,8	1,08	2,52	0,790
PAXC05	5,24	0,611	2,04	0,482	40,2	8,03	13,7	1,34	2,86	1,07
PAXC06	5,46	1,52	2,47	0,388	43,8	7,42	15,5	2,48	3,17	0,702
PAXC07	3,69	1,54	1,48	0,513	32,8	7,47	13,2	1,75	2,41	0,816
RNXC02	4,13	0,748	1,58	0,264	36,6	7,99	12,8	1,34	2,47	1,00

A



B

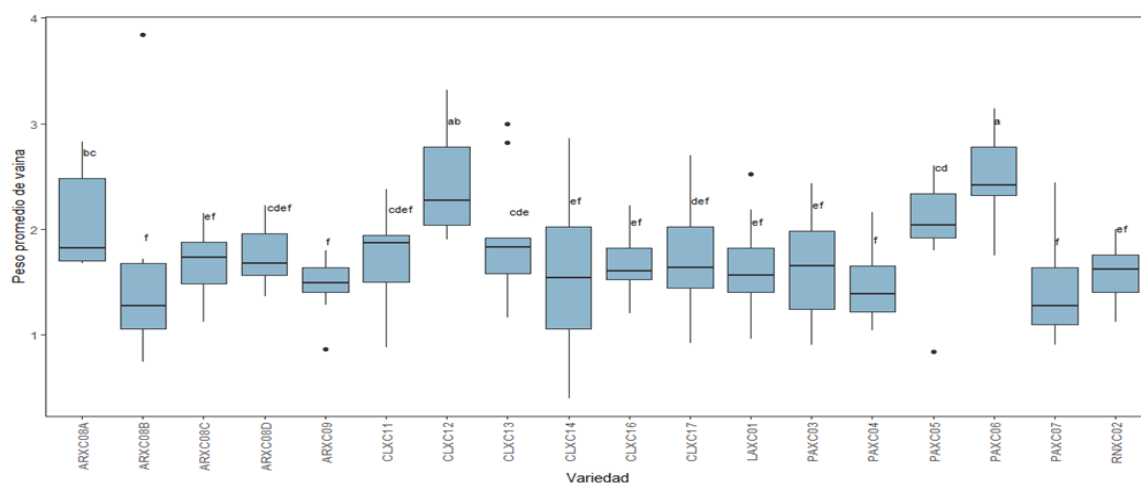


Figura 11: Gráfico de boxplots mostrando las comparaciones de medias por Tukey entre las dieciocho variedades criollas de maní para las siguientes características: **A.** Peso de 10 granos. **B.** Peso promedio de vaina. Letras diferentes indican diferencias

significativas para la característica analizada. Los puntos en el gráfico representan valores outlier.

Para la reticulación de la vaina (Ret) se encontraron diferencias significativas entre las variedades criollas (Chi cuadrado con $p < 0,05$). CLXC17 fue la variedad que presentó las vainas de mayor reticulación (reticulación profunda), seguida por CLXC12 (Tabla 7). Estas variedades presentaron vainas más reticuladas que ARXC08A, ARXC08B, ARXC08D, ARXC09, CLXC11, CLXC13, CLXC14, CLXC16, PAXC03, PAXC04, PAXC05, PAXC06, PAXC07 y RNXC02, (todas estas con vainas moderadamente reticuladas). ARXC08C y LAXC01 fueron las únicas variedades que presentaron vainas levemente reticuladas. Todas las variedades de Paysandú presentaron vainas moderadamente reticuladas (Tabla 7).

Para la prominencia de la punta de la vaina (Pun) se encontraron diferencias significativas entre las variedades criollas (Chi cuadrado con $p < 0,05$). La mayoría de las variedades presentaron prominencias de punta de vaina moderadas. CLXC12, CLXC14, CLXC16, CLXC17, PAXC04 presentaron puntas de vaina significativamente menos prominentes que el resto de las variedades criollas (vainas con punta levemente prominentes) (Tabla 7).

Para el estrangulamiento de la vaina (Est) se encontraron diferencias significativas entre las variedades criollas (Kruskal-Wallis con $p < 0,05$). ARXC08B presentó vainas moderadamente estranguladas, que fueron significativamente más estranguladas que el resto de las variedades criollas. Las otras diecisiete variedades criollas presentaron vainas levemente estranguladas (Tabla 7).

Tabla 7: Valores de las medianas (m) y desviaciones estándar (sd) de las dieciocho variedades criollas para algunas de las variables medidas postcosecha. **Pun:** Prominencia de la punta de vaina. **Ret:** Reticulación de la vaina. **Est:** Estrangulamiento de la vaina.

Variedad	Pun		Ret		Est	
	m	sd	m	sd	m	sd
ARXC08A	5	1,83	5	0,206	3	2,37
ARXC08B	5	0,493	5	0,149	5	2,03

ARXC08C	5	1,38	3	0,266	3	2,33
ARXC08D	5	0,396	5	0,114	3	1,07
ARXC09	5	0,283	5	0,133	3	1,21
CLXC11	5	1,65	5	0,203	3	2,05
CLXC12	3	1,52	6	0,211	3	1,72
CLXC13	5	0,283	5	0,14	3	1,38
CLXC14	3	1,58	5	0,193	3	1,83
CLXC16	3	1,56	5	0,19	3	2,33
CLXC17	3	1,87	7	0,207	3	1,8
LAXC01	5	1,62	3	0,135	3	2,48
PAXC03	5	0,396	5	0,105	3	0,995
PAXC04	3	1,3	5	0,096	3	1,2
PAXC05	5	0	5	0,23	3	1,03
PAXC06	5	0,283	5	0,118	3	1,37
PAXC07	5	0	5	0	3	1,46
RNXC02	5	1,73	5	0,172	3	2,04

Para el color de grano se encontraron diferencias significativas entre las variedades criollas (Chi cuadrado con $p < 0,05$). Los granos de las variedades criollas analizadas fueron clasificados como moros, rojos o rosados (Figura 12), siendo el color rojo el más frecuente en el total de las plantas caracterizadas. El color de grano rosado varió en tonalidades presentándose en algunos casos como casi blanco. ARXC08B y PAXC07 presentaron relaciones positivas con el color moro (Figura 12). En ambas variedades criollas, algunas de las plantas presentaron granos de color moro y otras de color rojo. La variedad RNXC02 fue la única variedad criolla que presentó una asociación positiva con el color de grano blanco o rosado.

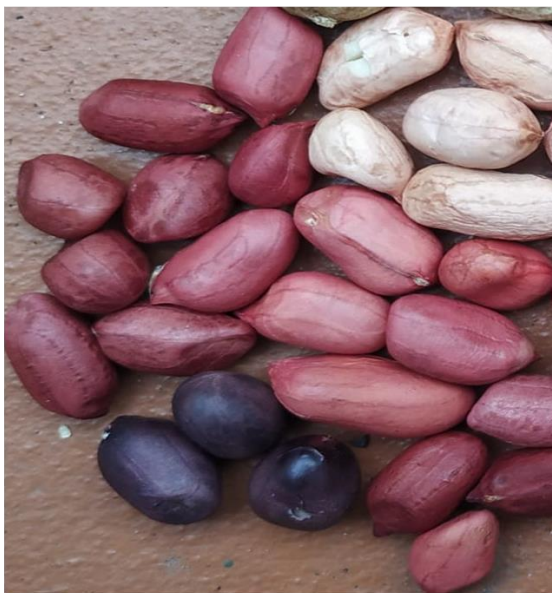
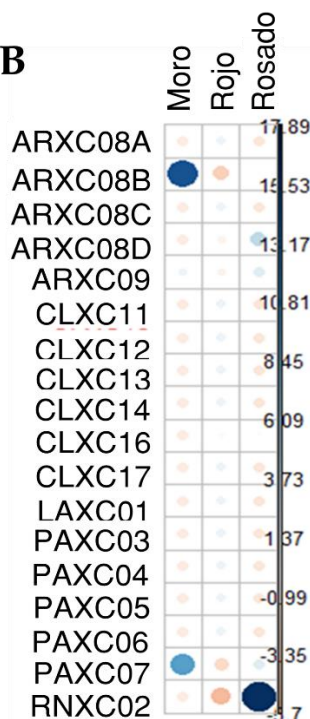
A**B**

Figura 12: **A.** Granos de color moro, rojo y rosado pertenecientes a una de las variedades criollas de maní plantadas en Uruguay. **B.** Gráfico de asociación entre la característica color de grano y las dieciocho variedades criollas caracterizadas morfológicamente. Para esta característica se registraron los colores moro, rojo y rosado. El tamaño de los círculos es directamente proporcional a la asociación que haya entre la variable y la variedad. Cuando el círculo es de color azul la asociación entre la variedad y el nivel de la categoría es positiva, y cuando el círculo es de color rojo, la asociación es negativa.

Relación entre descriptores y tipos agronómicos

Para la característica *color de grano* hubo diferencias significativas entre las plantas de tipo Español y Valencia (Chi cuadrado con $p < 0,05$). Las plantas de tipo Valencia presentaron una asociación positiva con el color rojo. La mayoría de los granos evaluados que pertenecían a plantas de tipo Valencia fueron de color rojo, habiendo también, en una baja proporción, granos de color rosado – blanquecino. Las plantas de tipo Español presentaron una asociación positiva con el color moro. La mayoría de los granos evaluados pertenecientes a plantas de tipo Español fueron de color moro, habiendo también en una baja proporción granos de color rojo. Así es que las plantas de tipo Español no presentaron ningún grano de color rosado blanquecino,

mientras que las plantas de tipo Valencia no presentaron granos de color moro (Figura 13 y Anexo 3: Tabla 2).

Para la característica *número de granos por vaina* hubo diferencias significativas entre las plantas de tipo Español y Valencia (Chi cuadrado con $p < 0,05$). La mayoría de las vainas de plantas de tipo Español contenían 2 granos (Figura 13, Anexo 3: Tabla 2), con excepción de unos pocos casos en los que contenían un único grano (probablemente eran vainas dañadas). Hubo un caso donde una vaina perteneciente a una planta de tipo Español presentó más de dos granos (cuatro granos), siendo esto poco esperable ya que no se registraron vainas con 3 granos para ese tipo agronómico. Las plantas de tipo Valencia presentaron una mayor variabilidad, ya que se registraron de 0 a 4 granos por vaina. El caso de 0 granos por vaina es adjudicable a semillas que no completaron su desarrollo por factores bióticos o abióticos. En orden decreciente, las vainas de plantas de tipo Valencia presentaron 3 granos, seguidas por las de 2 granos y luego por las de 4 granos (Figura 13, Anexo 3: Tabla 2). Las plantas que presentaron un solo grano son pocas y probablemente también fueron casos en que las semillas sufrieron algún daño durante su desarrollo (por factores bióticos o abióticos).

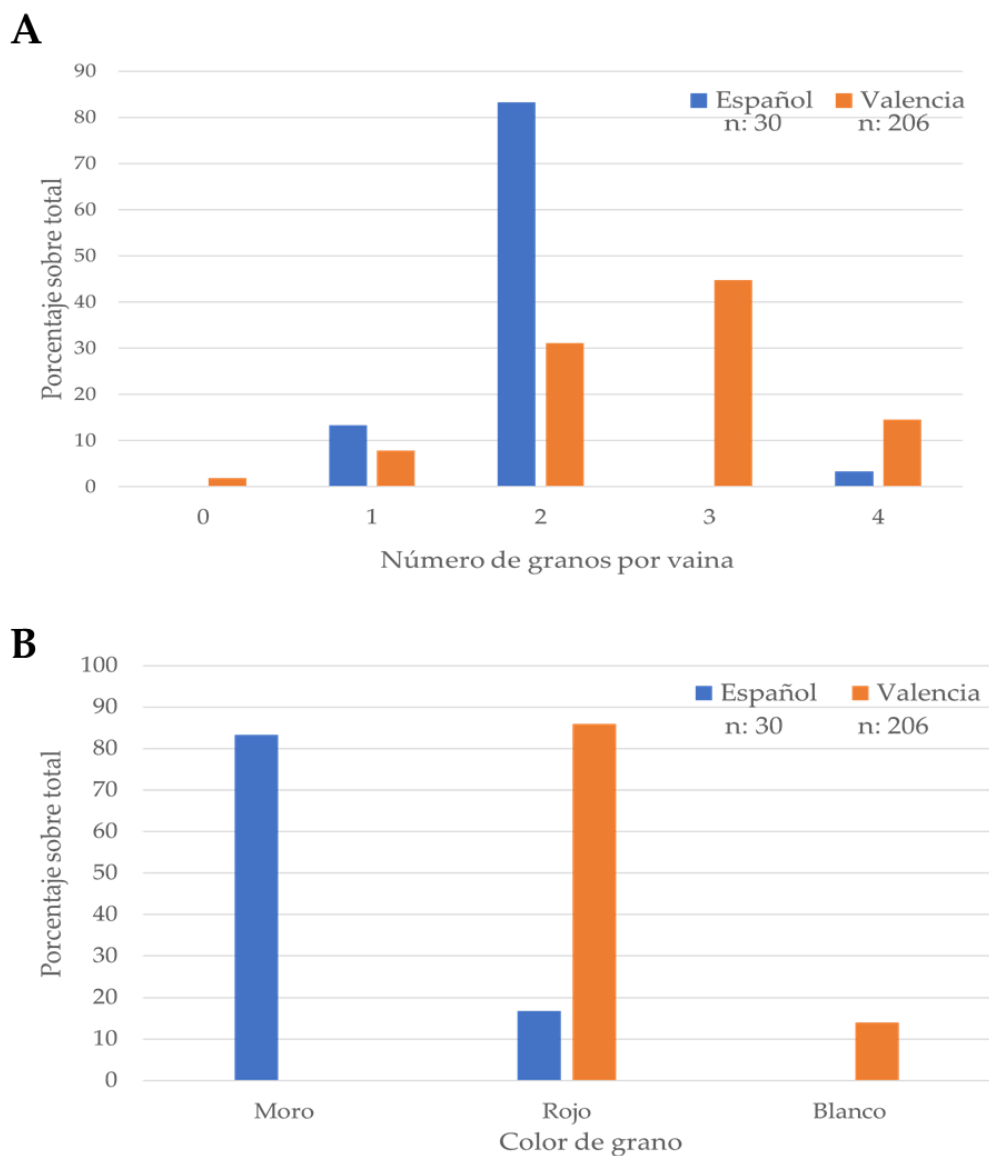


Figura 13: A. Porcentajes sobre el total para la cantidad de granos registrados por vaina para plantas de tipo Español y Valencia. **B.** Porcentaje sobre el total para los todos los colores de grano registrados en plantas de tipo Español y Valencia.

Para la característica *prominencia de la punta de la vaina* hubo diferencias significativas entre las plantas de tipo Español y Valencia (Chi cuadrado con $p < 0,05$), aunque los dos tipos agronómicos presentaron asociaciones positivas con el nivel moderado para la punta de vaina. Se determinó una fuerte asociación positiva entre las plantas de tipo Español y la punta moderada ya que más del 93% de las plantas analizadas

presentaron prominencias de punta de vaina moderadas (nivel 5). Solamente una vaina fue clasificada como de punta ligeramente prominente (nivel 3) y otra como prominente (nivel 7) (Tabla 8, Anexo 3: Tabla 2). Las vainas de tipo Valencia también fueron mayoritariamente clasificadas con prominencias de punta de vaina moderadas (Tabla 8, Anexo 3: Tabla 2). No obstante, en este tipo agronómico se registró una variabilidad mucho mayor, ya que hubo vainas clasificadas dentro de todos los niveles posibles (0, 3, 5, 7, 9). En este caso un 58% de las vainas corresponden a una punta de prominencia moderada, seguidas por un 25% de puntas ligeras y un 8% de puntas prominentes.

Para la característica *reticulación de la vaina* hubo diferencias significativas entre las plantas de tipo Español y Valencia (Chi cuadrado con $p < 0,05$). Las plantas de tipo Español presentaron una fuerte asociación positiva con reticulaciones moderadas en sus vainas (83% de las vainas evaluadas se clasificaron como moderadamente reticuladas). El otro 17% se corresponde con vainas de reticulación prominente (Tabla 8, Anexo 3: Tabla 2). Las plantas de tipo Valencia también presentaron una asociación positiva con reticulaciones moderadas en sus vainas (65% de sus vainas con una reticulación moderada), pero el 21% de las vainas fueron clasificadas como de reticulación ligera (nivel que en las plantas de tipo Español se encuentra ausente). Las vainas restantes (14%) fueron clasificadas como prominentemente reticuladas (Tabla 8, Anexo 3: Tabla 2). Las vainas de tipo Español presentaron menor variabilidad ya que la mayoría de ellas fueron clasificadas dentro del mismo nivel para este descriptor, mientras que, las de tipo Valencia también presentaron un nivel predominante, pero con una mayor variabilidad interna.

Para la característica *estrangulamiento de la vaina* hubo diferencias significativas entre las plantas de tipo Español y Valencia (Chi cuadrado con $p < 0,05$). Las plantas de tipo Español presentaron una asociación positiva con estrangulamientos moderados en sus vainas (63% de las vainas caracterizadas como moderadamente estranguladas). Otras vainas pertenecientes a plantas de tipo Español (30%) presentaron un estrangulamiento prominente. El porcentaje restante para las plantas de tipo Español correspondió a vainas sin estrangulamiento y con estrangulamientos muy prominentes (solo un caso de cada una) (Tabla 8, Anexo 3: Tabla 2). Es probable que haya habido algún error en el registro de la vaina que se clasificó sin estrangulamiento ya que es la única clasificada en ese nivel y no existe ninguna vaina clasificada en el nivel siguiente (estrangulamiento ligero). Las vainas pertenecientes a plantas de tipo Valencia presentaron mayor variabilidad y la

mayoría presentaron un nivel de estrangulamiento menor que el de las vainas de plantas de tipo Español. Las vainas de plantas de tipo Valencia presentaron una asociación positiva con estrangulamientos ligeros (49% fueron clasificadas como ligeramente estranguladas). En menor medida, el 25% de las vainas pertenecientes a plantas de tipo Valencia fueron clasificadas como moderadamente estranguladas, un 13% sin estrangulamiento, un 6% con estrangulamiento prominente y un 2% con estrangulamiento muy prominente (Tabla 8, Anexo 3: Tabla 2).

Tabla 8: Conteo de vainas clasificadas en los distintos niveles para las características prominencia de la punta de vaina, reticulación de la vaina y estrangulamiento de la vaina en función del tipo agronómico (Español o Valencia) en las dieciocho variedades criollas caracterizadas. Nivel 0: vainas sin punta, reticulación o estrangulamiento. Nivel 3: vainas con prominencia de punta, reticulación y estrangulamiento leves. Nivel 5: vainas con prominencia de punta, reticulación y estrangulamiento moderados. Nivel 7: vainas con punta, reticulación y estrangulamiento prominentes. Nivel 9: vainas con punta, reticulación y estrangulamiento muy prominentes.

Nivel	Punta		Reticulación		Estrangulamiento	
	Español	Valencia	Español	Valencia	Español	Valencia
0	0	6	0	0	1	28
3	1	62	0	51	0	130
5	28	118	25	131	19	34
7	1	18	5	28	9	12
9	0	4	0	0	1	5
Total	30	220	30	210	30	209

Clasificación de la totalidad de las plantas del ensayo

Los resultados del análisis de la relación entre descriptores morfológicos de vaina y grano y tipos agronómicos muestran que las plantas de tipo Español fueron menos variables que las de tipo Valencia para el color de grano, número de granos por vaina, punta, reticulación y estrangulamiento de la vaina. Los descriptores que

mejor diferencian entre las plantas de tipo Valencia y de tipo Español se pueden ordenar de la siguiente manera:

1. Color de grano
2. Número de granos por vaina
3. Estrangulamiento de la vaina
4. Prominencia de la punta de vaina
5. Reticulación de la vaina

Este ordenamiento se explica de la siguiente manera:

1. Si los granos son de color moro la planta se considera de tipo Español y si son de color rosado-blanco de tipo Valencia. Las plantas con granos de color rojo pueden pertenecer a cualquiera de los dos tipos agronómicos.
2. Si las vainas contienen más de dos granos es altamente probable que las plantas sean de tipo Valencia ya que el tipo Español está fuertemente asociado a dos granos por vaina. Las vainas con 2 granos pueden ser de cualquiera de los dos tipos agronómicos, al igual que si tienen 1 o ninguno (ya que estos últimos suelen ser casos de granos que no llegaron a desarrollarse o que sufrieron daño mecánico o infecciones por hongos).
3. Las vainas con un mayor nivel de estrangulamiento suelen pertenecer a plantas de tipo Español.
4. La punta de vaina para las plantas de tipo Español es siempre moderada (nivel 5), por lo tanto, si aparecen otros niveles lo más probable es que sean de tipo Valencia. En los casos en que sea moderada, no puede afirmarse a qué tipo de maní corresponde (ya que las de tipo Valencia también pueden tener punta moderada).
5. La reticulación de la vaina es el descriptor de menor valor para diferenciar entre plantas de tipo Español y Valencia ya que ambas suelen presentar vainas de reticulación moderada, y en los dos tipos agronómicos se registró una variabilidad considerable.

Utilizando esta clave morfológica se logró clasificar la gran mayoría de las plantas caracterizadas (Anexo 4: Tabla 3). Hubo vainas para las que no se contaba con datos suficientes para clasificarlas apropiadamente (Anexo 4: Tabla 3). En esos casos se clasificaron dentro del mismo tipo agronómico en el que se clasificaron otras vainas

de esa misma planta. La clasificación de las plantas en tipos agronómicos según la clave morfológica coincidió con la realizada a partir de los análisis genotípicos para todas las plantas caracterizadas, con excepción de una sola (planta 2 de ARXC09), que según el análisis genotípico era de tipo Español y según el morfológico era de tipo Valencia. Esta diferencia ocurrió como consecuencia de que una de sus 5 vainas presentaba 4 granos en lugar de 2 (que es lo esperable para plantas de tipo Español). Lo más probable es que haya habido un error en el registro de los datos, ya que, una sola de las cinco vainas registraba ese número de granos. La mayoría de las variedades criollas presentaron plantas que fueron clasificadas como de tipo Valencia, y ninguna variedad criolla presentó únicamente plantas de tipo Español. Solamente dos variedades criollas (ARXC08B y PAXC07) presentaron plantas de ambos tipos agronómicos.

Análisis multivariado y selección de variedades criollas para la caracterización metabolómica

El Análisis de Componentes Principales (PCA), se realizó utilizando el método de Análisis Factorial de Datos Mixtos (FAMD), con las medidas de los descriptores cuantitativos y cualitativos detallados en la Tabla 9 para las 180 plantas caracterizadas (diez plantas por variedad criolla). Las primeras 2 componentes del análisis explicaron un 26,2% de la varianza total (Componente 1: 16,2% y Componente 2: 11,6%). El análisis no mostró una separación gráfica evidente de datos ni por variedad criolla ni por región de colecta, visualizándose la alta variabilidad interna de las variedades criollas estudiadas (Figura 14).

Tabla 9: Lista de los descriptores morfológicos cualitativos y cuantitativos utilizados en el Análisis de Componentes Principales.

Descriptores cuantitativos	Descriptores cualitativos
Altura del tallo principal	Superficie del tallo principal
Ancho de la planta	Prominencia de la punta de la vaina
Largo de los folíolos	Reticulación de la vaina
Ancho de los folíolos	Estrangulamiento de la vaina
Peso promedio de vaina	Color de grano

Longitud de la vaina

Ancho de la vaina

Número de granos por vaina

Peso de 10 granos

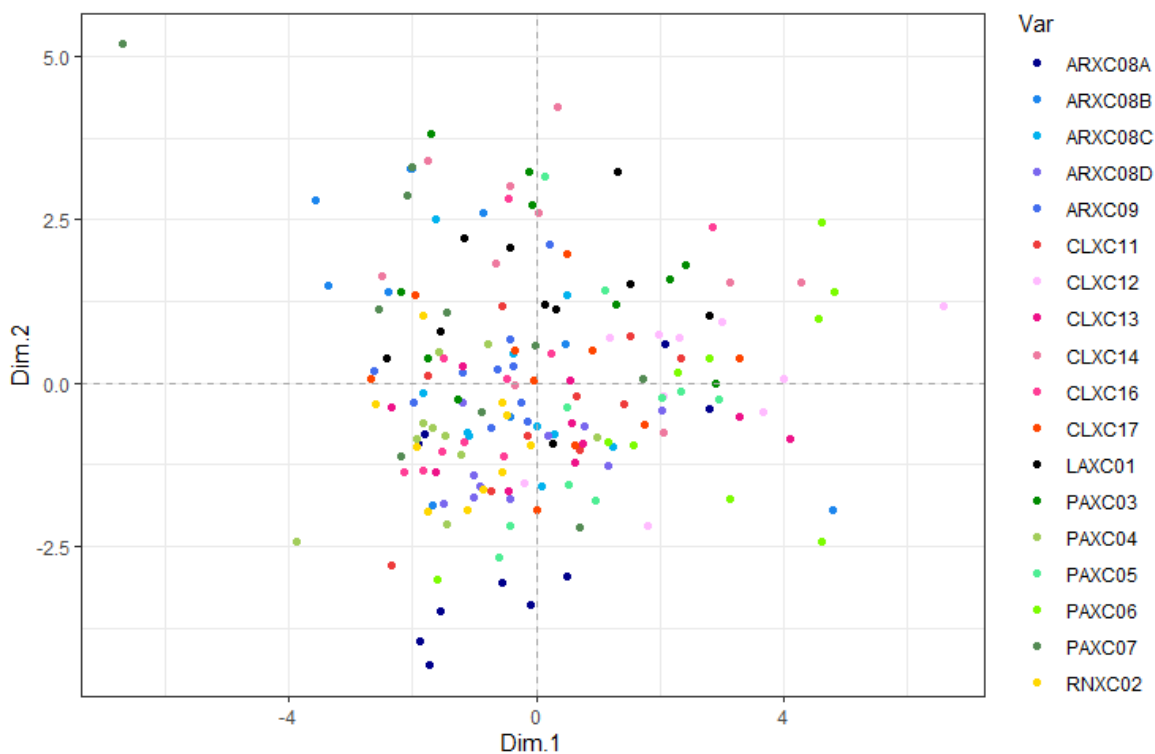


Figura 14: Análisis de Componentes Principales de la totalidad de las plantas del ensayo caracterizadas morfológicamente. Las diferentes variedades criollas fueron representadas con distintos colores. Cada punto representa a una de las diez plantas analizadas para cada variedad criolla. Se eligieron distintos tonos de un mismo color para aquellas variedades colectadas en la misma región del país.

Si bien el PCA no mostró agrupamientos evidentes, se pudo utilizar para la selección de las nueve variedades criollas que serían utilizadas en los análisis metabólicos. Para esta selección se buscó que esas nueve variedades criollas abarcaran la mayor diversidad posible y que además estuvieran representados los distintos centros de origen. Por ello, se determinó cuáles fueron las variables que tuvieron una mayor

contribución a las dos primeras dimensiones del PCA. Además, cuando dos variables presentaban una alta correlación se elegía una sola, como ocurrió por ejemplo con *Ancho de folíolo* y *Largo de folíolo* (Figura 15), para las que solo se consideró *Largo de folíolo*. Las variables cuantitativas tuvieron una mayor contribución en el multivariado que las cualitativas. Dentro de las cualitativas, el descriptor que tuvo una mayor contribución al análisis multivariado fue el *color de grano* (Figura 15).

Así, las variables elegidas para determinar qué variedades criollas serían utilizadas en los análisis metabolómicos fueron el *Peso promedio de vaina (PPV)*, *Largo de vaina (LV)*, *Peso de 10 granos (P10G)*, *Ancho de planta (AP)*, *Largo de folíolo (Lfoliolo)* y *Color de grano (CG)*. Las variedades criollas que fueron seleccionadas para los análisis metabolómicos fueron LAXC01, PAXC04, RNXC02, ARXC08A, ARXC08B, CLXC14, PAXC07, CLXC12, PAXC06. Si se considera el origen de estas nueve variedades, aparecen representados todos los departamentos donde se realizaron colectas, que también era un criterio relevante para la selección de variedades para los análisis metabolómicos (ver Materiales y métodos).

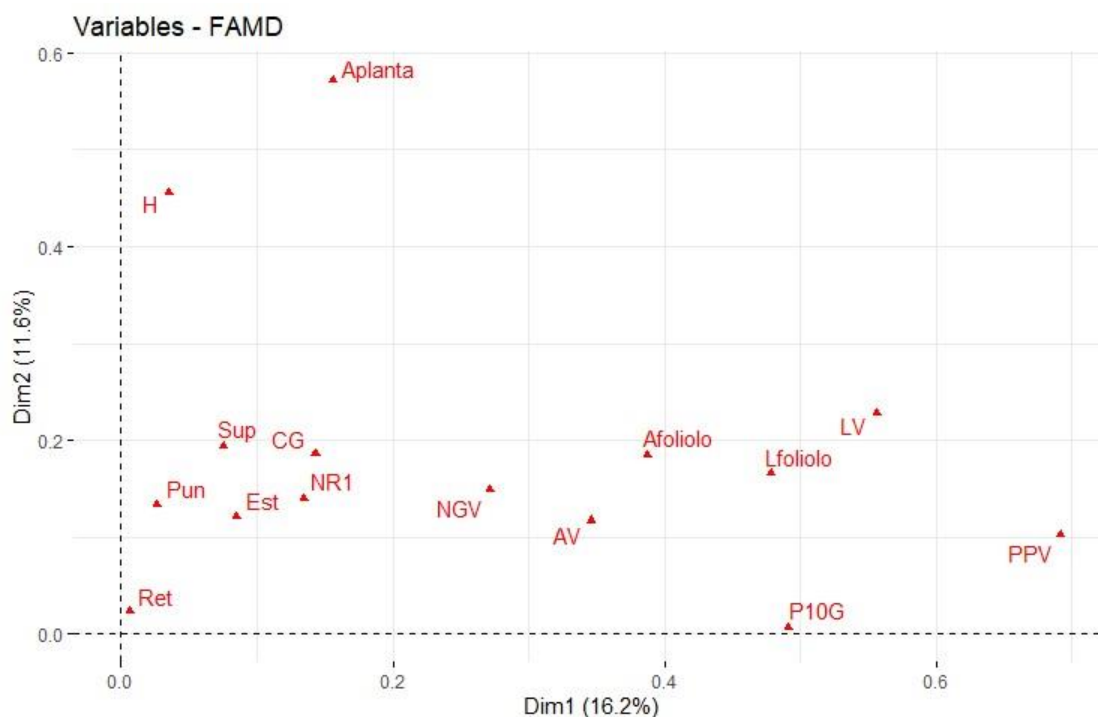


Figura 15: Contribución de las distintas variables a las primeras dos componentes principales del análisis multivariado para las dieciocho variedades criollas de maní de Uruguay.

Caracterización metabólica

El procesamiento de los datos de RMN dio una matriz inicial de 45 x 946. Estos análisis muestran una gran variedad de picos (Figura 16, con trazas representativas). En esta gran diversidad se destacan las zonas de los protones metílicos y metilénicos (0 - 3.5 ppm), la zona de los protones de etilenos sustituidos (5.0 - 6.5 ppm), la zona de los protones de carbonos aromáticos (6.5 - 8.0 ppm), y la zona donde aparecen algunos protones fenólicos y de aldehídos (8.0 - 10.0 ppm).

Considerando los compuestos reportados para las semillas de maní (Lopes et al., 2011; Lou et al., 2004; Reed, 2009; Shem-Tov et al., 2012) y que se utilizó un método de extracción semi-selectivo para fenilpropanoides (Frédérich et al., 2011), es esperable que la matriz de compuestos esté conformada mayoritariamente por flavonoides, estilbenos, y algunos hidrocarburos y ácidos grasos. Es esperable que en la zona del espectro comprendida entre 0 y 4.0 ppm se encuentren los picos de los protones de los compuestos lipídicos, y que en la zona del espectro entre 6.0 y 10.0 ppm se encuentren los picos de los protones de flavonoides y estilbenos (Friedrich, 1986; Gunther et al., 1980; Pascual et al., 1966)

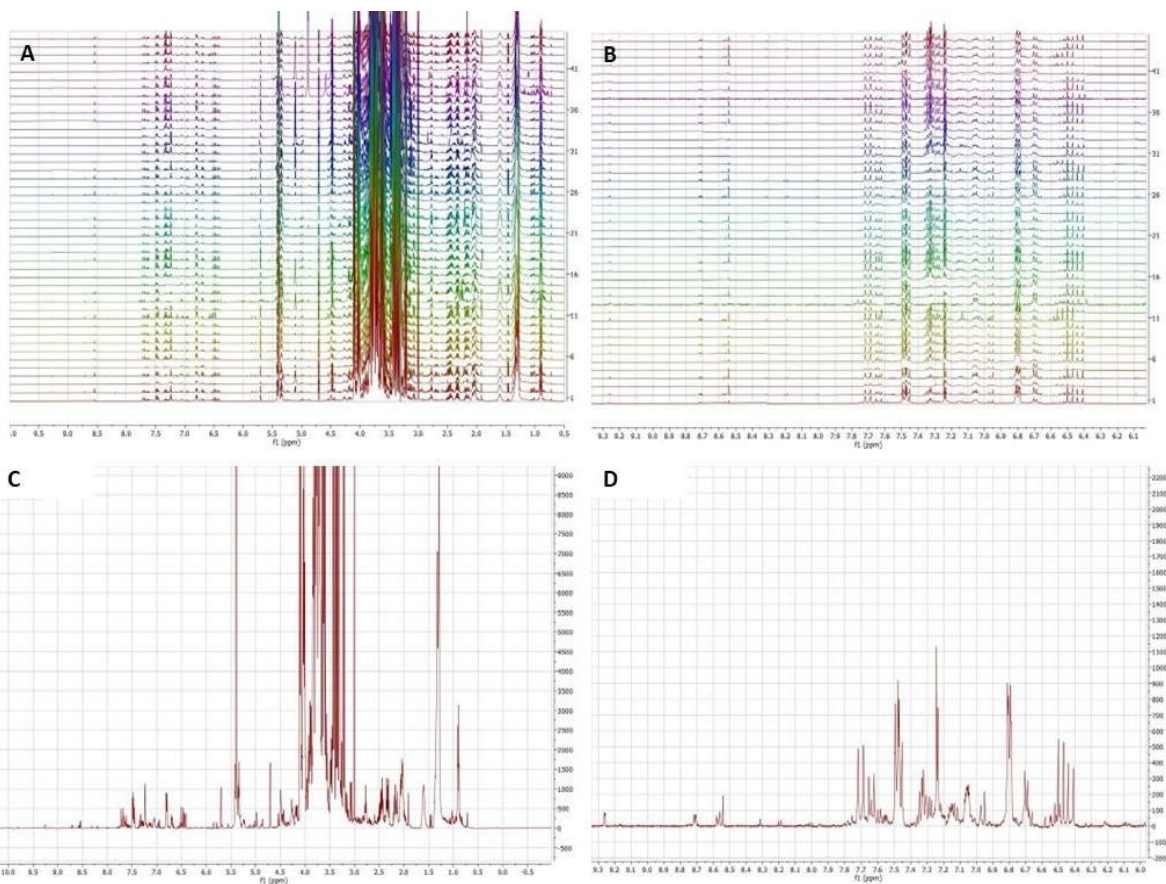


Figura 16: **A.** Apilado de los espectros de HRMN de los extractos hidroalcohólicos de las semillas de las 45 plantas de maní cosechadas en el ensayo a campo de Facultad de Agronomía. **B.** Ampliación de los espectros desde 6.2ppm a 9.3ppm. **C.** Espectro completo de una de las plantas (Planta 1 de ARXC08A) a modo de ejemplo. **D.** Espectro C ampliado en la zona entre 6.2 y 9.3 ppm

Análisis de la diversidad entre las variedades criollas

Las accesiones caracterizadas se numeraron del 1 al 9 (Tabla 10). Los datos se escalaron utilizando el algoritmo de Pareto (centrados en sus medias y divididos por la raíz cuadrada de la desviación estándar de cada variable). Entre las 576 características detectadas, ninguna exhibió al menos una diferencia significativa entre un par de especies (ANOVA para cada característica, $p < 0,05$ en todos los casos) (Figura 17). En el análisis de clustering de Heatmap no se detectaron posibles outliers (Anexo 5: Figura 1). En el PCA, no se observó una separación gráfica de los datos (Figura 18). El análisis discriminante de mínimos cuadrados parciales (PLS-

DA, Figura 19), utilizando variedad criolla como variable de clasificación, no generó un modelo válido como predictor (Prueba de permutación basadas en la distancia de separación: 2000 permutaciones, $p = 0.611$). Asimismo, el análisis de Random Forest no clasificó las plantas en variedades criollas correctamente (error OOB = 0.978). Considerando estos resultados, se procedió a analizar la diversidad de las variedades criollas para la zona del espectro comprendida entre 6,0 y 10,0 ppm.

Entre las 248 características detectadas, ninguna exhibió al menos una diferencia significativa entre un par de especies (ANOVA para cada característica, $p < 0,05$ en todos los casos) (Figura 17). En el análisis de clustering de Heatmap no se detectaron posibles outliers (Anexo 5: Figura 2). En el PCA, no se observó una separación gráfica evidente de los datos (Figura 18). El PLS-DA (Figura 19), utilizando la variedad criolla como variable de clasificación, no generó un modelo válido como predictor (Prueba de permutación basadas en la distancia de separación: 2000 permutaciones, $p = 0.822$). Asimismo, el análisis de Random Forest no clasificó las plantas en variedades criollas correctamente (error OOB = 0.956).

Tabla 10: Número asignado a las accesiones de variedades criollas utilizadas en la caracterización metabólica.

Accesión	Número asignado
ARXC08A	1
CLXC14	2
PAXC06	3
PAXC07	4
CLXC12	5
LAXC01	6
RNXC02	7
PAXC04	8
ARXC08B	9

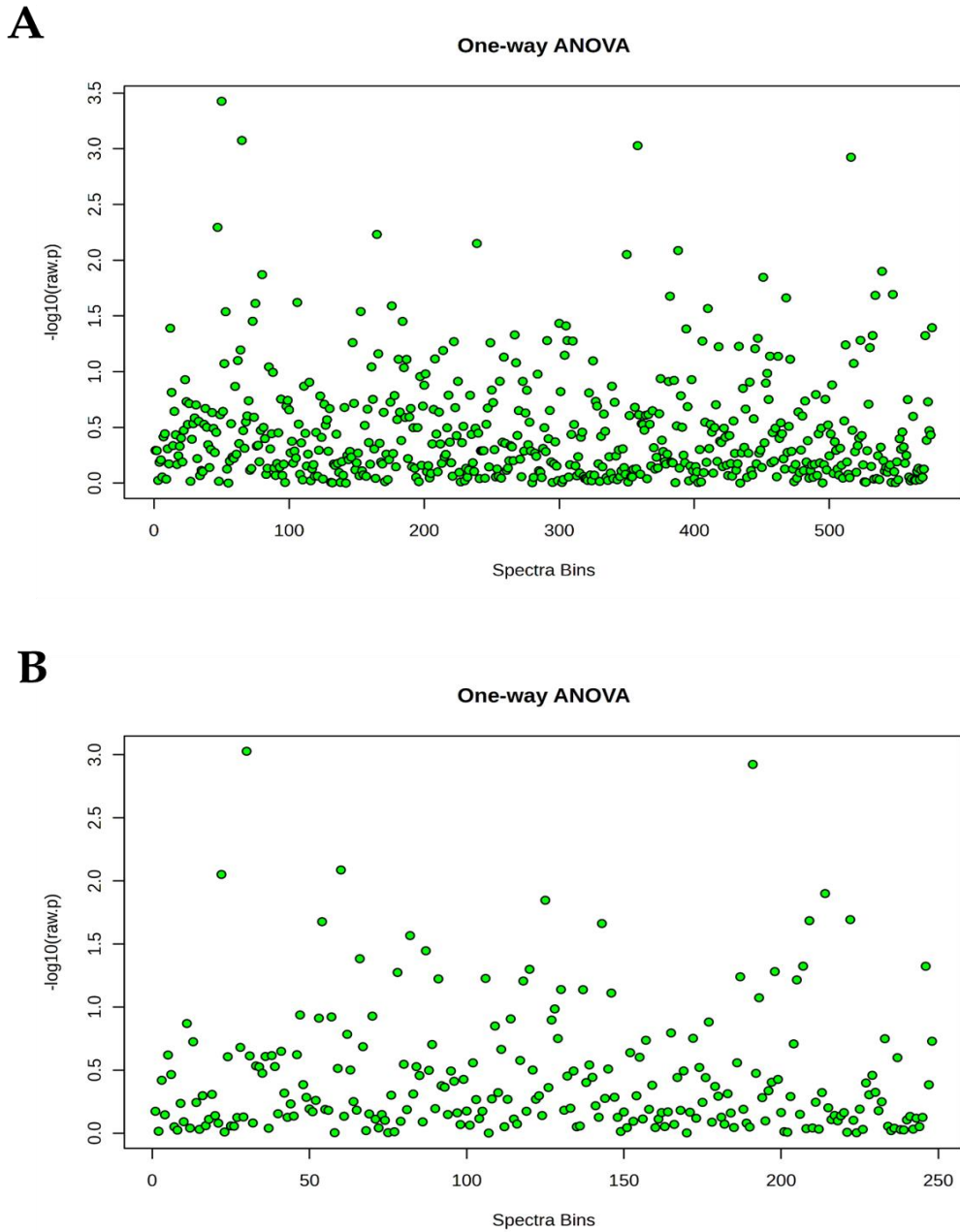


Figura 17: ANOVA para cada característica detectada en un modelo con variedad criolla como variable de clasificación para: **A.** Todo el espectro. **B.** La zona del espectro comprendida entre 6,0 y 10,0 ppm. En ninguno de los casos hubo diferencias significativas entre las variedades criollas para ninguna de las características para un $p = 0,05$.

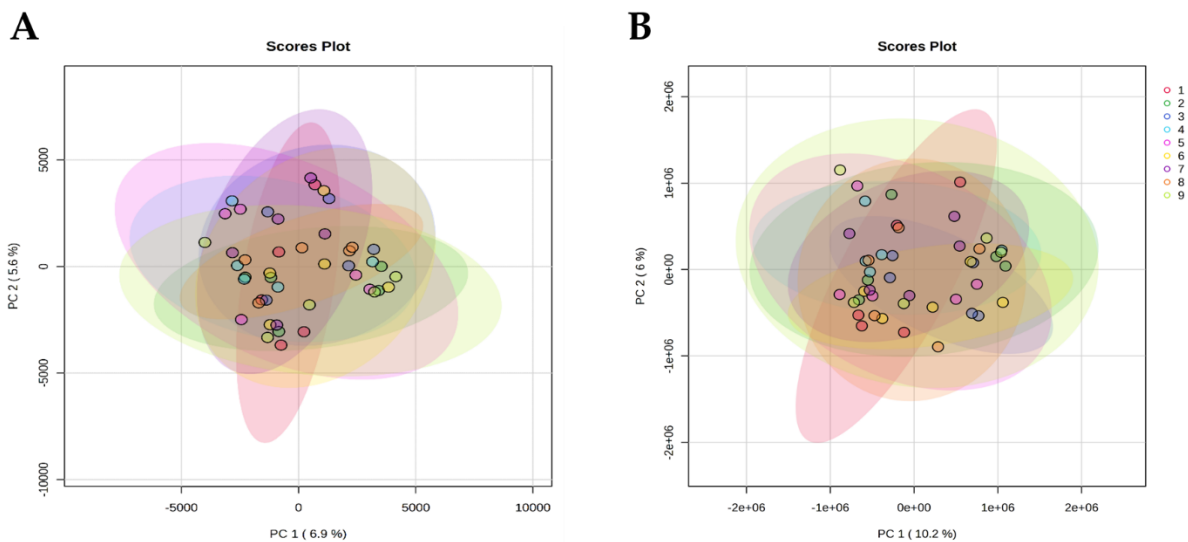


Figura 18: Biplot del Análisis de Componentes Principales para la matriz de datos obtenida a partir de los espectros de H-RMN de los extractos de las semillas de las nueve variedades criollas analizadas para: **A.** Todo el espectro. **B.** Zona del espectro comprendida entre 6,0 y 10,0 ppm.

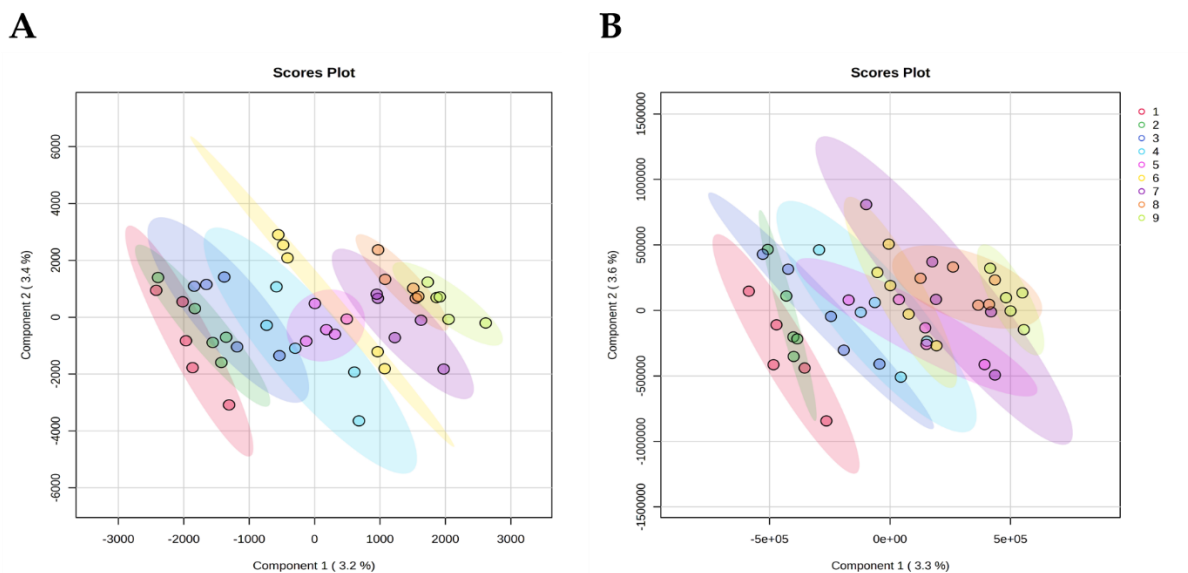


Figura 19: Biplot de las primeras dos componentes del Análisis Discriminante de Mínimos Cuadrados Parciales (PLS-DA) para la matriz de datos obtenida a partir de los espectros de H-RMN de los extractos de las semillas de las plantas del ensayo, con variedad criolla como variable de clasificación. **A.** PLS-DA a partir de la matriz

de datos obtenida de todo el espectro. **B.** PLS-DA a partir de la matriz de datos obtenida de la zona del espectro comprendida entre 6,0 y 10,0 ppm.

Análisis de la diversidad entre los distintos tipos agronómicos

Los datos se escalaron por auto escalado (centrados en sus medias y divididos por la desviación estándar de cada variable). Entre las 576 características detectadas, ninguna exhibió al menos una diferencia significativa entre un par de especies (t-test para cada característica, $p < 0,05$ en todos los casos) (Figura 20). En el análisis de clustering de Heatmap no se detectaron posibles outliers (Anexo 5: Figura 3). En el PCA, no se observó una separación gráfica evidente de los datos (Figura 21). El PLS-DA (Figura 22) utilizando tipo agronómico como variable de clasificación no generó un modelo válido como predictor (Prueba de permutación basadas en la distancia de separación: 2000 permutaciones, $p = 1,0$). Asimismo, el análisis de Random Forest no clasificó correctamente las plantas en tipos agronómicos (error OOB = 0.111). Considerando estos resultados, se procedió a analizar la diversidad entre los tipos agronómicos para la zona del espectro comprendida entre 6,0 y 10,0 ppm.

Entre las 248 características detectadas, ninguna exhibió al menos una diferencia significativa entre un par de especies (t-test para cada característica, $p < 0,05$ en todos los casos) (Figura 20). En el análisis de clustering de Heatmap no se detectaron posibles outliers (Anexo 5: Figura 4). En el PCA, no se observó una separación gráfica evidente de los datos (Figura 21). El PLS-DA (Figura 22) utilizando tipo agronómico como variable de clasificación no generó un modelo válido como predictor (Prueba de permutación basadas en la distancia de separación: 2000 permutaciones, $p = 0.958$). Asimismo, el análisis Random Forest no clasificó correctamente las plantas en tipos agronómicos (error OOB = 0.111).

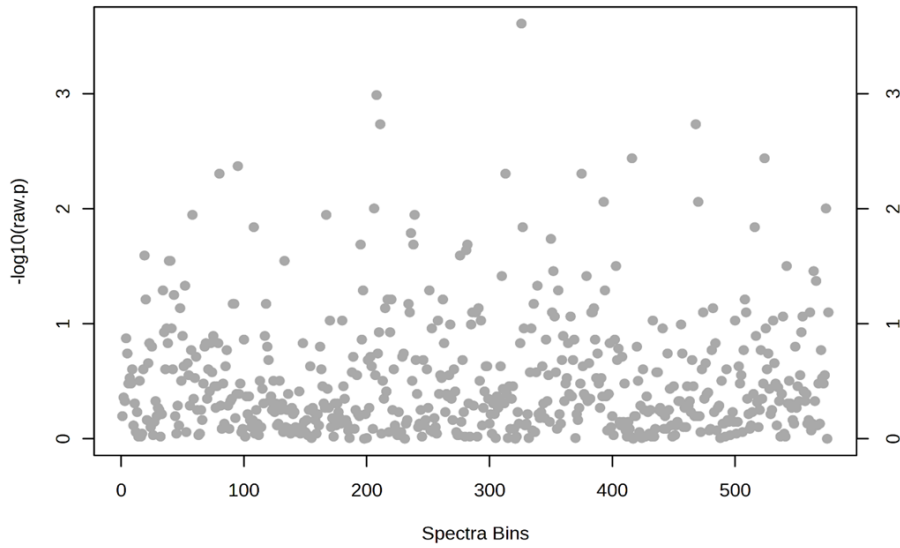
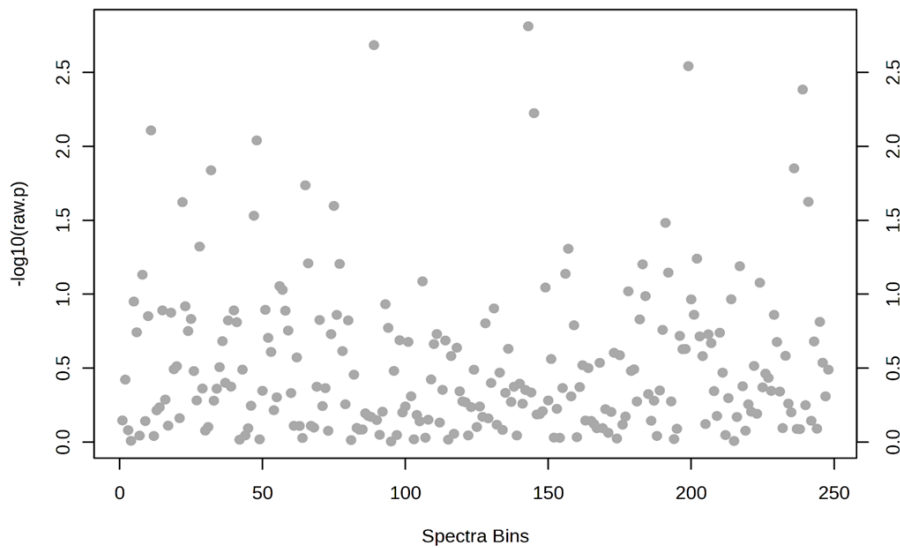
A**B**

Figura 20: T-student para cada característica detectada en un modelo con tipo agronómico como variable de clasificación. **A.** Análisis a partir de la matriz de datos obtenida de todo el espectro. **B.** Análisis a partir de la matriz de datos obtenida de la zona del espectro comprendida entre 6,0 y 10,0 ppm. No hubo diferencias significativas entre los dos tipos agronómicos para ninguna de las características para un $p = 0.05$.

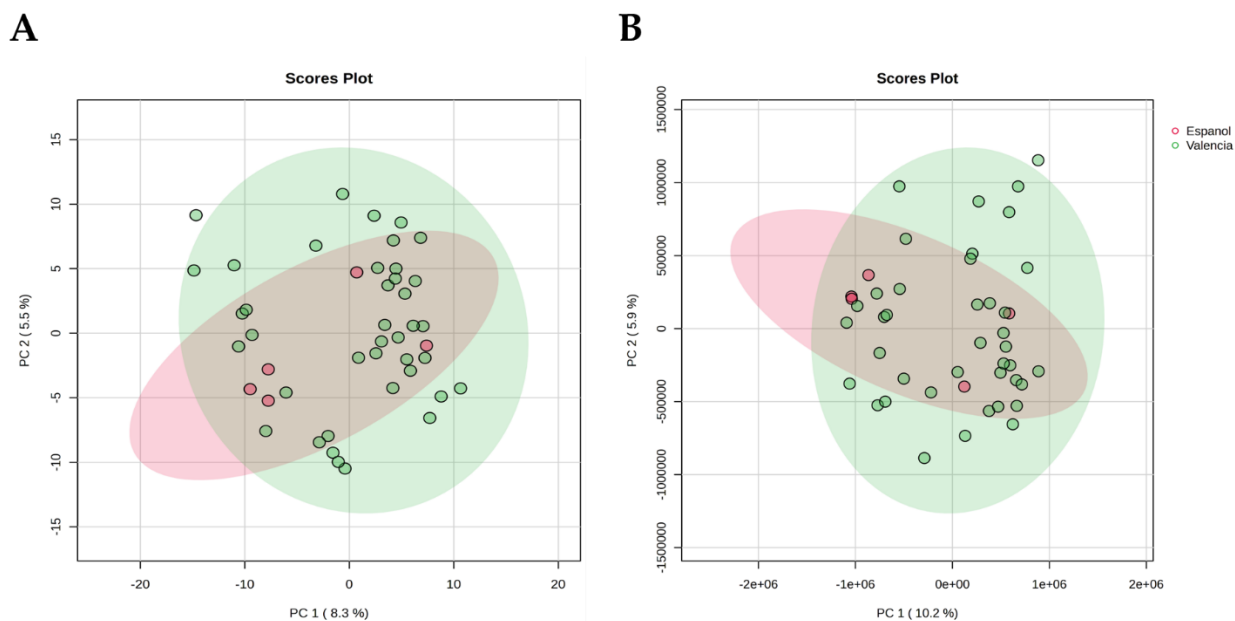


Figura 21: Biplot de las primeras dos componentes del Análisis de Componentes Principales para la matriz de datos obtenida a partir de los espectros de H-RMN de los extractos de las semillas de maní de tipo Español y Valencia para: **A.** Todo el espectro. **B.** Zona del espectro comprendida entre 6,0 y 10,0 ppm.

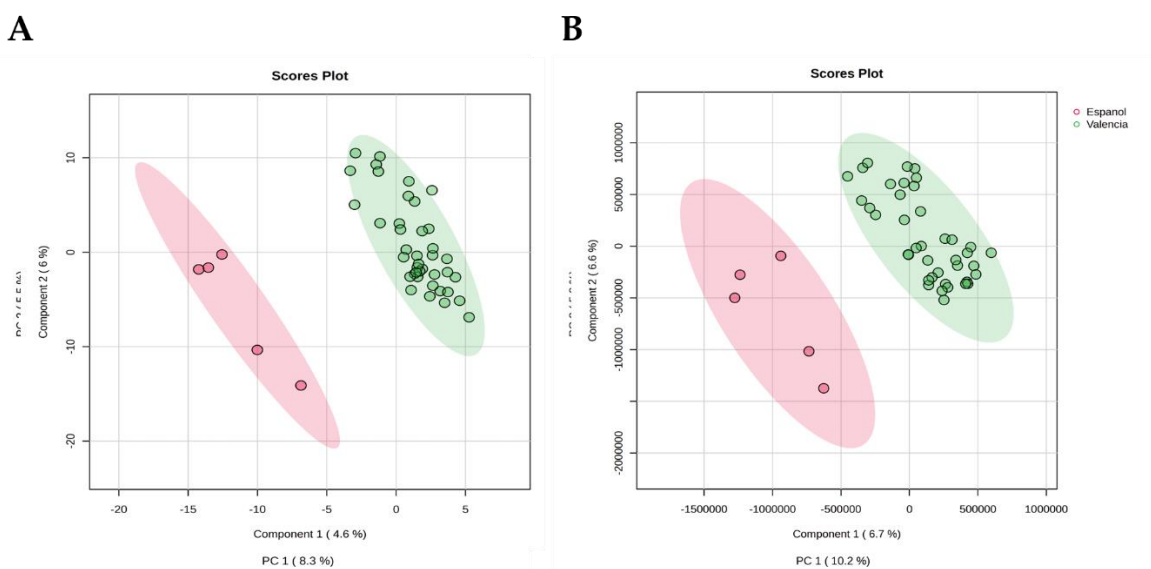


Figura 22: Biplot de las primeras dos componentes del Análisis Discriminante de Mínimos Cuadrados Parciales para la matriz de datos obtenida a partir de los

espectros de H-RMN de los extractos de las semillas de las plantas del ensayo, con tipo agronómico como variable de clasificación. **A.** PLS-DA a partir de la matriz de datos obtenida de todo el espectro. **B.** PLS-DA a partir de la matriz de datos obtenida de la zona del espectro comprendida entre 6,0 y 10,0 ppm.

Análisis de la diversidad para las dos variedades criollas que presentaron plantas de tipo Español y Valencia

De las 45 plantas para las que se realizaron extractos para obtener los espectros de H-RMN, 40 fueron clasificadas dentro del tipo Valencia y 5 dentro del tipo Español, a partir de los análisis morfológicos y genotípicos. Por ello, se analizó la matriz de datos de las plantas pertenecientes a las dos variedades criollas que contenían una mezcla de ambos tipos agronómicos, para ver si se observaba una separación entre ambos grupos. Las variedades criollas analizadas fueron PAXC07 y ARXC08B.

Los datos se escalaron utilizando el algoritmo de Pareto (centrados en sus medias y divididos por la raíz cuadrada de la desviación estándar de cada variable). Entre las 576 características detectadas, 2 exhibieron al menos una diferencia significativa entre un par de especies (t-test, $p < 0,05$, Anexo 5: Tabla 4) (Figura 23). En el análisis de clustering de Heatmap no se detectaron posibles outliers (Anexo 5: Figura 5). En el PCA, no se observó una separación gráfica evidente de los datos (Figura 24). El PLS-DA (Figura 25) utilizando tipo agronómico como variable de clasificación no generó un modelo válido como predictor (Prueba de permutación basadas en la distancia de separación: 2000 permutaciones, $p = 1,0$). Asimismo, el análisis Random Forest no clasificó correctamente las plantas en tipos agronómicos (error OOB = 0,3).

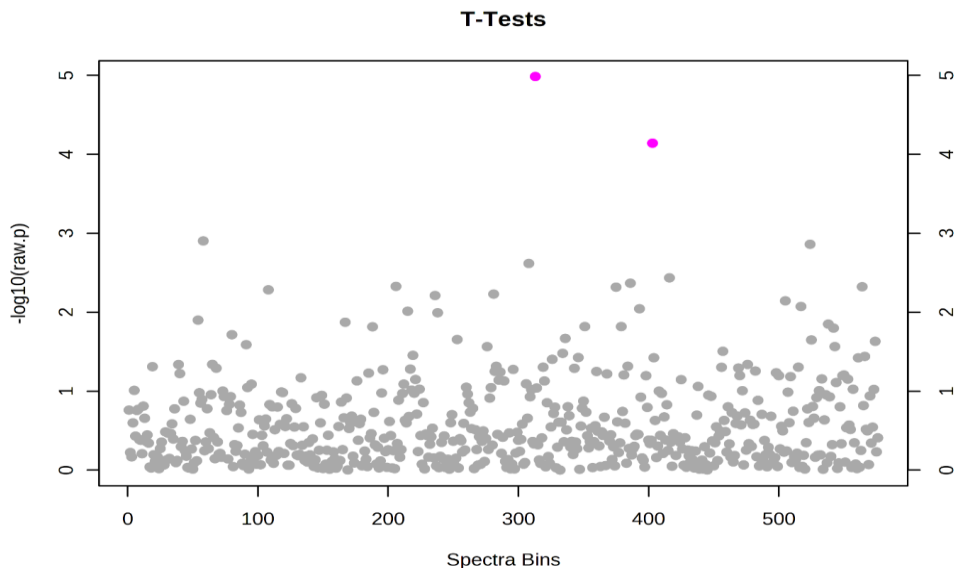


Figura 23: T-student para cada característica detectada para la matriz de datos obtenida a partir de los espectros de H-RMN de las plantas de las variedades PAXC07 y ARXC08B, con tipo agronómico como variable de clasificación. Hubo diferencias significativas entre los dos tipos agronómicos para dos de las características con un $p < 0,05$.

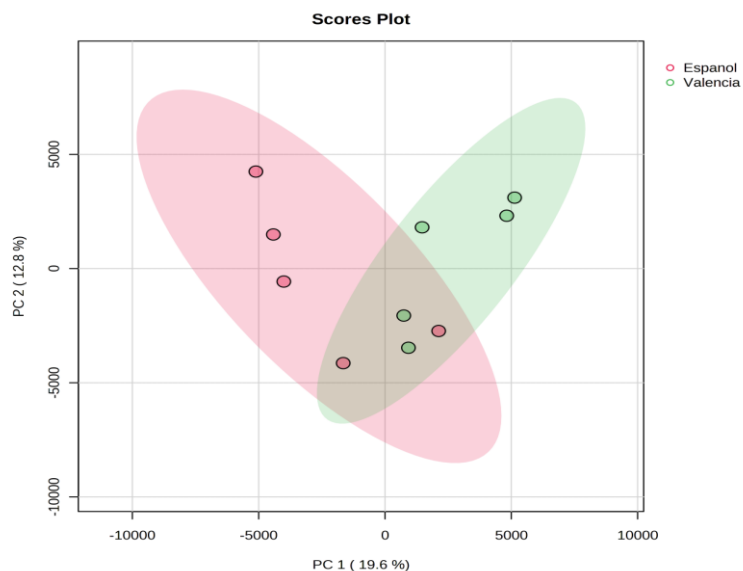


Figura 24: Biplot del Análisis de Componentes Principales para la matriz de datos obtenida a partir de los espectros de H-RMN de los extractos de las semillas de las

plantas de las variedades PAXC07 y ARXC08B para los tipos agronómicos Español y Valencia.

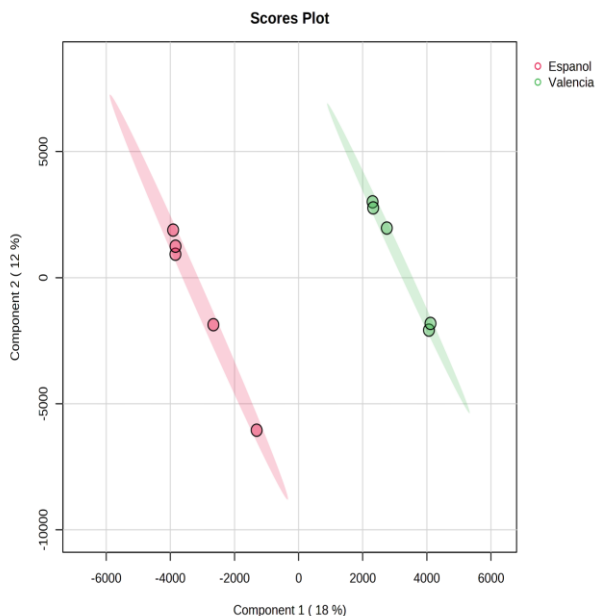


Figura 25: Biplot de las primeras dos componentes del Análisis Discriminante de Mínimos Cuadrados Parciales para la matriz de datos obtenida a partir de los espectros de H-RMN de los extractos de las semillas de las plantas de las variedades PAXC07 y ARXC08B, con tipo agronómico como variable de clasificación.

Análisis de la diversidad entre plantas genótipicamente diferentes

Se analizó la diferencia entre plantas que fueron previamente clasificadas como genéticamente diferentes. Un grupo fue denominado como A y otro como B (Anexo 5: Tabla 5) (este último correspondiéndose con las plantas del ensayo identificadas como de tipo Español). Estos grupos se identificaron considerando que en el PCA realizado a partir del genotipado por SNPs presentan una separación gráfica evidente (separados por el eje correspondiente a la primera componente principal) (Figura 26).

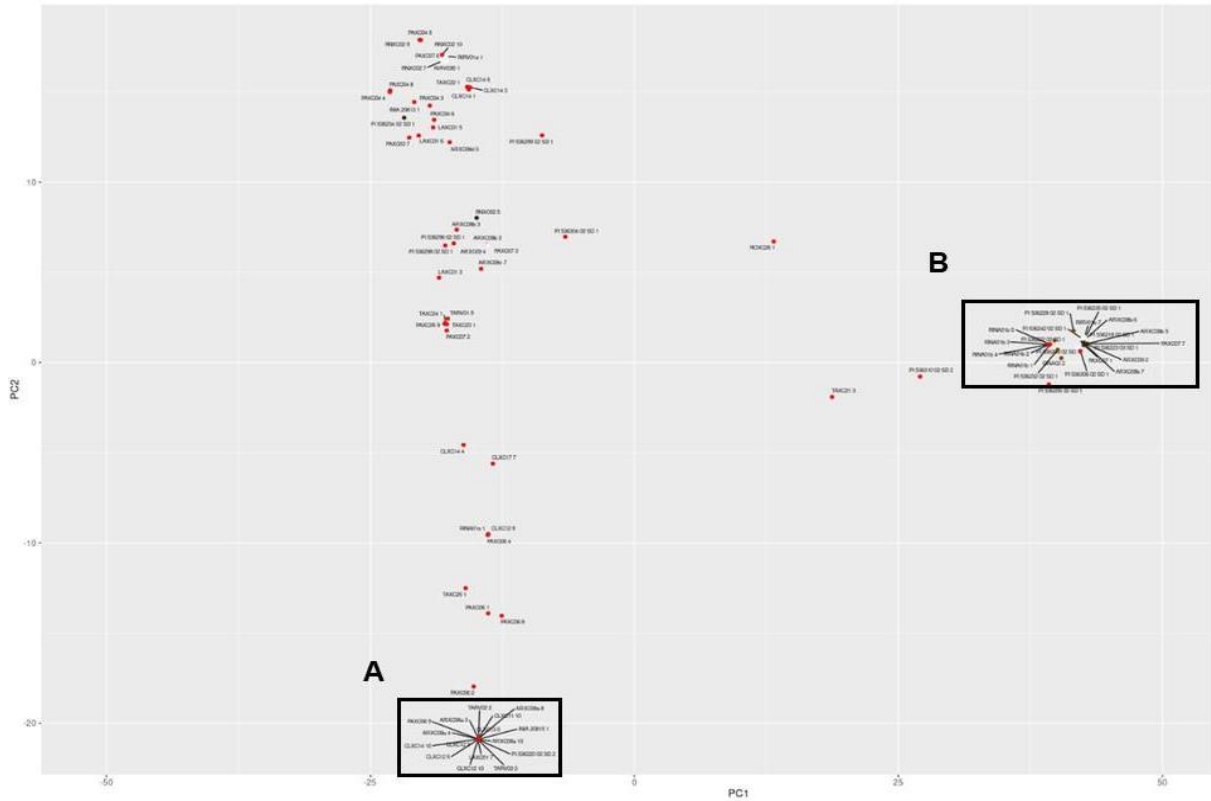


Figura 26: Figura del Análisis de Componentes Principales (PCA), extraído de Naya 2023, realizado a partir del genotipado por SNPs de las plantas utilizadas en el ensayo y otras colectadas posteriormente. Se muestran las plantas utilizadas en el análisis metabolómico, clasificadas en los grupos A y B.

Entre las 576 características detectadas, 2 exhibieron al menos una diferencia significativa entre un par de especies (t-test, $p < 0,05$ en todos los casos, Anexo 5: Tabla 6) (Figura 27). En el análisis de clustering de Heatmap no se detectaron posibles outliers (Anexo 5: Figura 6). En el PCA, no se observó una separación gráfica evidente de los datos (Figura 28). El PLS-DA (Figura 29) utilizando tipo agronómico como variable de clasificación no generó un modelo válido como predictor (Prueba de permutación basadas en la distancia de separación: 2000 permutaciones, $p = 0,998$). Asimismo, el análisis Random Forest no clasificó correctamente las plantas en tipos agronómicos (error OOB = 0,286).

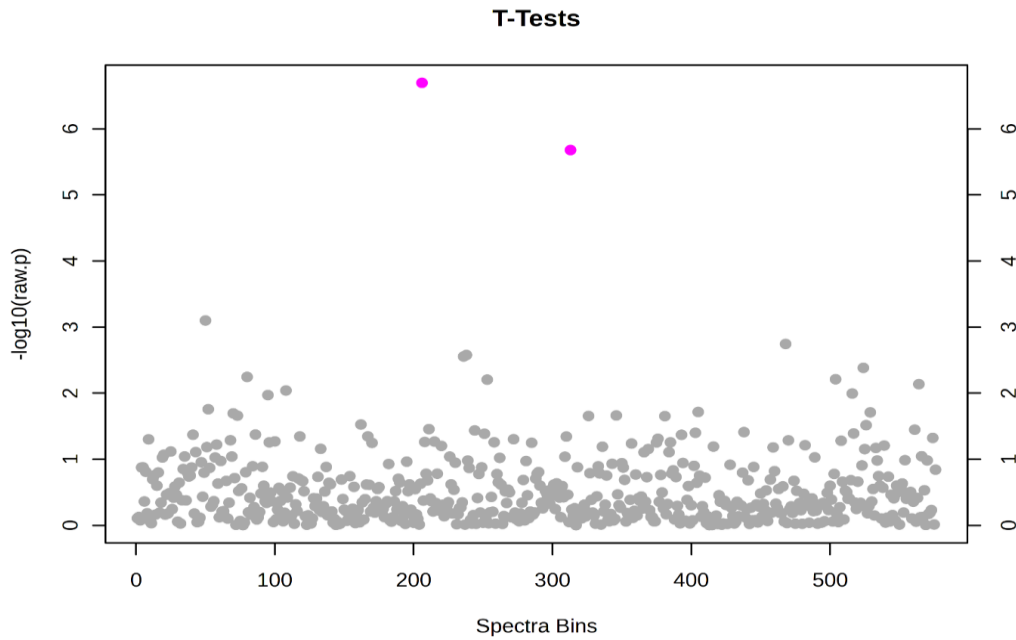


Figura 27: T-student para cada característica detectada en un modelo con genotipo como variable de clasificación. Hubo diferencias significativas entre los grupos A y B para dos de las características con un $p < 0,05$.

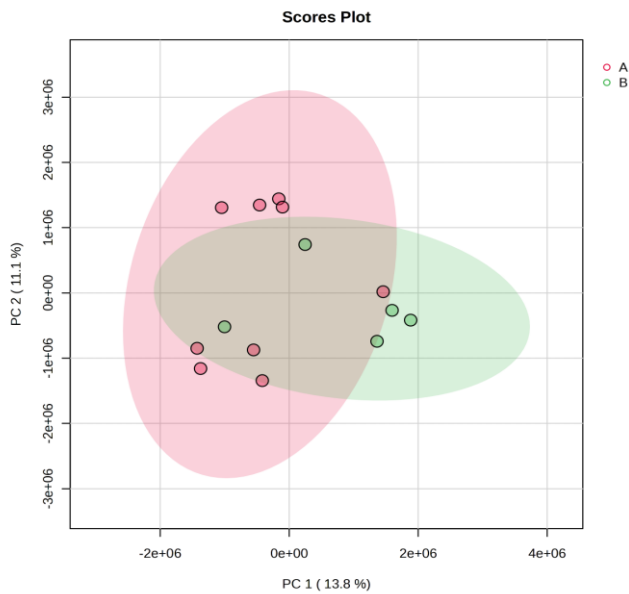


Figura 28: Biplot del Análisis de Componentes Principales para la matriz de datos de los espectros de H-RMN de los extractos de las semillas de las plantas clasificadas

en los grupos A y B a partir del análisis de SNPs para los tipos agronómicos Español y Valencia.

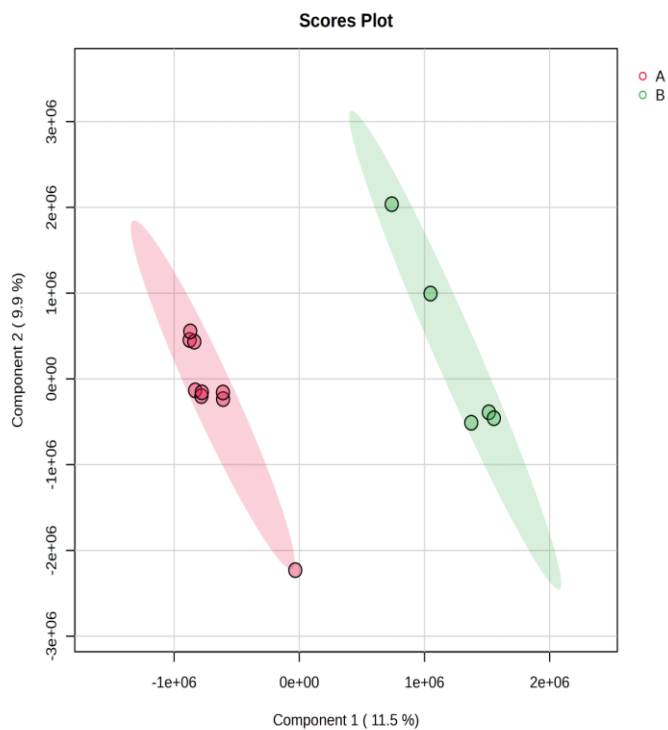


Figura 29: Biplot de las primeras dos componentes del Análisis de Mínimos Cuadrados Parciales para la matriz de datos de los espectros de H-RMN de los extractos de las semillas de las plantas clasificadas en los grupos A y B a partir del análisis de SNPs, con tipo agronómico como variable de clasificación.

DISCUSIÓN

Caracterización morfológica a nivel de subespecie del maní plantado actualmente en Uruguay

Las plantas de *Arachis hypogaea* se pueden clasificar en dos subespecies, *hypogaea* y *fastigiata*, en base al hábito de la planta, el color de las hojas, la presencia o ausencia de flores en el tallo principal y el patrón de alternancia de los nudos vegetativos y reproductivos de las ramas laterales (Williams, 2022). Las plantas de la subespecie *hypogaea* presentan hábito postrado, ausencia de flores en el tallo principal y ramas vegetativas y reproductivas alternándose de a pares, mientras que las de la subespecie *fastigiata* presentan hábito erecto, flores en el tallo principal y una distribución irregular o secuencial de sus ramas vegetativas y reproductivas (Bertioli et al., 2011; Pasupuleti & Nigam, 2013; Wynne, 1975). En el presente trabajo, todas las plantas presentaron hábito erecto, hojas de color verde 5 GY 4/6 (Munsell, 2013), flores en el eje principal y disposición irregular de nudos vegetativos y reproductivos, indicando que todo el maní, o la casi totalidad del maní que se planta actualmente en Uruguay pertenece a la subsp. *fastigiata*. Esto concuerda con lo reportado en las investigaciones en maní en el país en la década de los 80 y de los 90 (Alza et al., 1989; Cuchman & Peñalva, 1989; Millot & Cairús, 1985; Pereira, 1995), en las cuales todas las variedades criollas relevadas pertenecían a la misma subespecie. Este resultado también sugiere que no han sido introducidos al país materiales de la subsp. *hypogaea* como los maníes de tipo runner o Virginia que han desplazado en otros países de América Latina a los materiales de tipo Valencia o tipo Español (Giayetto, 2017). Los análisis genéticos realizados para las mismas variedades y basados en el genotipado de SNPs también apoyan la pertenencia de todos los materiales a la subespecie *fastigiata* (Naya 2023). Uruguay fue considerado como centro de diversidad de *Arachis hypogaea* subsp. *fastigiata* (Rocha & Valls, 2017), y la presencia de la subespecie, así como la alta diversidad encontrada concuerda y reafirma esta propuesta.

Tipos agronómicos de maní plantado en Uruguay en la actualidad

Según los análisis genotípicos (Naya, 2023), en la actualidad, las plantas de tipo Valencia son las que tienen la mayor distribución en el territorio uruguayo, mientras que las de tipo Español son plantadas solamente en determinadas localidades. Estos resultados se condicen con investigaciones previas en el país, ya que hasta fines de la década del 70 se plantaba una alta proporción de maní de tipo Español por su uso

en las aceiteras del país, pero a partir de 1980, la mayoría del maní plantado en Uruguay pasó a ser de tipo Valencia, ocupando en la década del 90 entre un 85% y 90% de la producción local (MGAP, 1973, 1983; Pereira, 1995)

En la caracterización morfológica se comprobó que las variedades criollas estudiadas son de tipo Español o de tipo Valencia. Para la caracterización de los tipos agronómicos de maní parecen ser más útiles los caracteres vegetativos y de fruto que los florales (Gibbons et al., 1972). Las plantas de maní de la subsp. *fastigiata* var. *fastigiata* (maní tipo Valencia) se distinguen de las de la subsp. *fastigiata* var. *vulgaris* (maní tipo Español) en que las primeras suelen presentar vainas ligeramente reticuladas, sin estrangulamiento, de dos a cuatro semillas, generalmente de color rojo, pero pudiendo ser también moro, marrón o blanco. En tanto, las plantas de la variedad *vulgaris* (maní tipo Español) generalmente presentan dos granos por vaina, vainas pequeñas con estrangulamiento de moderado a prominente, generalmente sin punta y granos generalmente de color marrón, pero que pueden ser también rojos, blancos o moros (Gibbons et al., 1972; Pasupuleti & Nigam, 2013; Williams, 2022).

Nuestros datos muestran que los caracteres sugeridos como distintivos entre los dos tipos agronómicos presentan bastante variabilidad, sobre todo, los de frutos y semillas (punta, estrangulamiento y reticulación de vaina, número de granos por vaina y color de grano), que justamente son los que parecen ser los de mayor interés en la clasificación (Gibbons et al., 1972). Los datos sugieren que las plantas de tipo Español presentan menor variabilidad en los caracteres de fruto y semilla que las de tipo Valencia. Las plantas de tipo Español presentaron vainas de punta moderada, reticulación mayoritariamente moderada y estrangulamiento de moderado a prominente, con dos granos por vaina, en la mayoría de los casos de color moro (Tabla 11). La mayoría de estos resultados concuerdan con lo reportado por otros autores (Giayetto, 2017; Gibbons et al., 1972; Pasupuleti & Nigam, 2013; Stalker, 1997; Williams, 2022), con la excepción del color de grano ya que consideran que el maní de tipo Español suele ser de color marrón y de vainas sin puntas. Sin embargo, Pereira (1995) que trabajó con variedades criollas de Uruguay, considera que el maní de tipo Español suele presentar granos de color moro (o también de color crema) y los de color rosado están fuertemente asociados al tipo Valencia. Las plantas de tipo Valencia presentaron vainas de punta moderada, reticulación mayoritariamente moderada y estrangulamiento ligero, con tres granos por vaina, en la mayoría de los casos de color rojo (Tabla 11). La mayor variabilidad para las características analizadas en el tipo Valencia concuerda también con lo reportado por otros autores

(Giayetto, 2017; Gibbons et al., 1972; Pasupuleti & Nigam, 2013; Pereira, 1995; Stalker, 1997; Williams, 2022).

Algunos autores también han reportado que las plantas de la var. *vulgaris* generalmente asociadas con maní tipo Español suelen presentar un mayor número de ramas secundarias que las de la var. *fastigiata* asociadas a maní tipo Valencia (Stalker, 1997), pero esta diferencia no se pudo observar en el presente trabajo. Por último, según diferentes autores las plantas de la subespecie *fastigiata* var. *vulgaris* (maní de tipo Español) presentan inflorescencias compuestas (Gibbons et al., 1972; Pasupuleti & Nigam, 2013). En este trabajo las plantas que fueron clasificadas genotípicamente como de tipo *vulgaris* (tipo Español) presentaron flores simples. Los resultados obtenidos permiten postular la importancia de las características morfológicas de postcosecha para la caracterización morfológica de las variedades criollas de Uruguay y elaborar una clave para distinguir los dos tipos agronómicos (Tabla 11).

Tabla 11: Clave basada en características morfológicas para la clasificación de las variedades criollas de *Arachis hypogaea* subsp. *fastigiata* presentes en Uruguay y pertenecientes al tipo Español y Valencia.

Descriptor	Tipo Español	Tipo Valencia
Color de grano	Mayoritariamente Moro. Pocos casos de granos color rojo	Rojo o blanco. Mayoritariamente rojo
Número de granos por vaina	2 granos	Entre 2 y 4 granos. Predominantemente 3 granos por vaina
Punta de la vaina	Siempre presentan una punta moderada	Generalmente puntas moderadas, pudiendo ser también ligeras y en menor proporción prominentes
Reticulación de la vaina	Mayoritariamente moderada. Puede también ser prominente (menos probable)	Mayor variabilidad. Pueden ser entre ligeras a prominentes. La mayoría de los casos son de reticulaciones moderadas, seguidos por las ligeras y luego las prominentes
Estrangulamiento de la vaina	De moderado a prominente.	Mayor variabilidad. Desde sin estrangulamiento a muy

Mayoritariamente
moderado

estranguladas. Mayoritariamente
levemente estranguladas

Diversidad de las variedades criollas plantadas actualmente en Uruguay

Para todos los descriptores cuantitativos en los que hubo diferencias significativas entre las variedades criollas, también hubo gran variabilidad interna. Este fue el caso del número de ramas primarias, altura del tallo principal, ancho de la planta, largo de los folíolos, ancho de los folíolos, peso de 10 granos, peso promedio de vaina, longitud de la vaina, ancho de la vaina y número de granos por vaina. Que haya diferencias dentro de cada variedad criolla con la que se trabajó en el ensayo sugiere que las variedades criollas son una mezcla de varias líneas puras (Erskine, 1997; Erskine & Choudhary, 1986; Freitas et al., 2007; Montcho et al., 2021) y por lo tanto los productores mantienen en sus predios una alta diversidad. Para estos descriptores no se encontró una asociación con la región de origen de las variedades criollas, ya que, en casos como el número de ramas primarias, las medidas de mayor y menor valor correspondieron a plantas colectadas en el mismo departamento (Cerro Largo en este caso). Esta diversidad para las variedades criollas de Cerro Largo podría no ser esperada ya que todos los productores plantan maní de tipo Valencia y probablemente relacionado con el cultivar Noblía (Castro-Carli sin publicar, Naya 2023).

Para los descriptores cualitativos (reticulación, punta y estrangulamiento de la vaina), también hubo diferencias significativas entre y dentro de las variedades criollas, reforzando la idea de que todas las variedades criollas con las que se trabajó se corresponden con materiales genéticamente heterogéneos (Erskine, 1997; Montcho et al., 2021). Esto es esperable considerando que las variedades criollas surgen como resultado de la selección de los agricultores, de sus formas de producción y del ambiente en que son cultivadas (Villa et al., 2005). Además de mantener probablemente más de una línea pura dentro de un mismo tipo agronómico, algunos productores mantienen mezclas de ambos tipos agronómicos, como por ejemplo en Artigas y Paysandú.

La caracterización fenotípica, al igual que la caracterización genotípica fueron concordantes en que hay diversidad entre las variedades criollas y dentro de una misma variedad, algo que es habitual cuando se trabaja con variedades criollas de

maní (Berg, 2009; Ferguson et al., 2004; Freitas et al., 2007; Herselman, 2003; Montcho et al., 2021).

¿Todas las zonas de colecta presentaron la misma diversidad?

A partir de los datos de las colectas realizadas se determinó que las zonas del país con mayor cantidad de productores de maní son los departamentos de Cerro Largo, Artigas, Paysandú, Rivera y Tacuarembó. También hay otras zonas de producción dispersas en el país, como en los departamentos de Río Negro y Lavalleja con un solo productor relevado en cada caso (Castro-Carli et al 2021). En este trabajo no fueron incluidas las variedades de Rivera y Tacuarembó que fueron colectadas posteriormente a que se realizara el ensayo. La caracterización fenotípica realizada en este trabajo sugiere que los departamentos con mayor diversidad morfológica son Artigas y Paysandú. Las variedades criollas de estos departamentos estaban compuestas por plantas de maní tipo Valencia o por mezclas de plantas de tipo Valencia y Español. Es explicable que haya una alta diversidad en estos departamentos del litoral noroeste del país, debido a que antes de la década del 80 allí había varios productores de maní (MGAP, 1973) y debido al uso que se le daba en la industria aceitera (Pereira, 1995). A partir de los análisis genotípicos (Naya 2023), se determinó que además del litoral noroeste, las variedades criollas de la zona de Rivera y Tacuarembó también presentan alta diversidad.

Por otro lado, las accesiones colectadas en el departamento de Cerro Largo presentaron una baja diversidad, determinada a partir de la caracterización morfológica realizada en este trabajo y de la caracterización genotípica (Naya I, 2023). La baja diversidad de las variedades criollas de Cerro Largo puede visualizarse cuando se analizan los descriptores morfológicos de vaina y grano. Todas las accesiones de Cerro Largo presentaron medidas similares para estos descriptores.

Análisis metabolómico

Se estudió la diversidad entre las variedades criollas plantadas en la actualidad en Uruguay analizando los extractos de metanol/agua 80:20 de semillas previamente desgrasadas, no encontrándose diferencias modelables por análisis multivariado entre variedades criollas. Luego se analizaron las zonas de corrimiento que corresponden a señales de compuestos de tipo fenilpropanoide, y tampoco se

encontraron diferencias modelables por análisis multivariados. No ha habido trabajos que estudien la variabilidad química de fenilpropanoides en las variedades criollas de *Arachis hypogaea*, aunque se ha estudiado la correlación entre distintos genotipos y los flavonoides presentes en la testa (Daigle et al., 1983). Daigle y sus colaboradores (1983) concluyeron que el contenido de flavonoides de la testa de semillas de maní probablemente no sea un buen marcador quimiotaxonómico. Además, se ha determinado que el elevado contenido de flavonoides es un carácter altamente heredable, pero que parece estar negativamente correlacionado con las características deseables de la planta y las vainas (alto y ancho de planta, tamaño de las vainas, peso promedio de las vainas, etc.) (Hou et al., 2017). En este trabajo no se encontraron diferencias significativas en la diversidad de flavonoides en las semillas de maní, pero sí en la caracterización morfológica cuando se analizaron descriptores vegetativos, y descriptores de fruto y semilla.

Debido a que las plantas de maní de distintos tipos agronómicos son genotípicamente diferentes entre sí (Ferguson et al., 2004), y que hay trabajos que reportan diferencias en el perfil de flavonoides entre tipos agronómicos como Runner y Valencia (Chukwumah et al., 2012), se analizó la diferencia en el perfil de flavonoides de las semillas de maníes de tipo Español y de tipo Valencia. Sin embargo, no se encontraron diferencias significativas. No obstante, debido a que el número de muestras de plantas de tipo Español estaba desbalanceado con respecto al de Valencia (solo 5 de las 45 plantas a las que se les realizaron extracciones de flavonoides eran de tipo Español), la varianza de los datos fue elevada; siendo el tamaño muestral una de las posibles explicaciones de estos resultados. En el futuro, debería aumentarse el tamaño de la muestra. Por otro lado, se debe considerar que en el trabajo de Chukwumah et al. (2012), que reporta diferencias en el perfil de flavonoides entre distintos tipos agronómicos de maní, se realizaron comparaciones entre los extractos de semillas de plantas de tipo Runner y de tipo Valencia, que corresponden a dos subespecies distintas de maní, ya que el tipo Runner se corresponde con la subsp. *hypogaea* y el de tipo Valencia con la subsp. *fastigiata* (Williams, 2022). Contrariamente, en el presente trabajo, la variabilidad estudiada fue en plantas pertenecientes solo a la subsp. *fastigiata*.

Los espectros realizados presentaron varios picos en la zona asociada a los hidrocarburos (poco relacionada con los compuestos de naturaleza fenilpropanoide) (Gunther et al., 1980). Por ello se realizó el análisis de la diversidad de flavonoides de las semillas de maní entre las distintas variedades criollas y también entre los distintos tipos agronómicos, pero solo para la zona de flavonoides y estilbenos de los espectros, buscando determinar más detalladamente las diferencias entre los

picos. Sin embargo, tampoco hubo diferencias significativas entre las variedades criollas o entre los tipos agronómicos.

También se analizó la diversidad entre las plantas de las únicas dos variedades criollas que presentaron tanto plantas de tipo Español como de tipo Valencia, utilizando el tipo agronómico como variable de clasificación, para trabajar con números de muestra más equitativos para los dos tipos agronómicos, y así intentar que las desviaciones estándares de los dos fueran similares. Para este análisis tampoco hubo diferencias significativas entre las variedades.

Se ha reportado que distintos genotipos de *Arachis hypogaea* están asociados a diferentes perfiles de flavonoides (Juliano et al., 2020; Macar et al., 2018). Por ello, se realizó el análisis de la diversidad entre dos grupos de plantas que fueron caracterizadas como genéticamente distintos entre sí. Sin embargo, tampoco hubo diferencias significativas entre los dos grupos. Al igual que han reportado Wang et al. (2011), este resultado pudo deberse a que los descriptores genéticos utilizados para construir el Análisis de Componentes Principales no permiten distinguir entre variedades con diferentes perfiles de flavonoides y estilbenos.

En conclusión, se determinó que hay diversidad fenotípica entre las distintas variedades criollas y también dentro de cada variedad ya que hubo diferencias significativas entre las variedades criollas para 15 de los descriptores morfológicos. Las características morfológicas que no presentaron diferencias significativas son aquellas relacionadas a la pertenencia de todas las plantas a la subespecie *fastigiata* para la cual Uruguay es considerado un centro de diversidad. Los resultados muestran que descriptores de vaina y granos permiten distinguir los tipos agronómicos Español y Valencia en variedades criollas de Uruguay. Se determinó que los extractos de las distintas variedades criollas presentaron perfiles de compuestos que no pueden ser modelados por análisis multivariados (PLS-DA y Random Forest) utilizando como variable de clasificación la variedad de las semillas; lo que indicaría la presencia de compuestos similares en las distintas variedades.

BIBLIOGRAFÍA

- Akram, N. A., Shafiq, F., & Ashraf, M. (2018). Peanut (*Arachis hypogaea* L.): A prospective legume crop to offer multiple health benefits under changing climate. *Comprehensive Reviews in Food Science and Food Safety*, 17(5), 1325-1338.
- Alza, J., Dutto, P., & Ferreira, R. (1989). *Caracterización y evaluación primaria de Germoplasma Nacional de Maní* [Thesis]. Tesis Ing. Agr., Montevideo, Uruguay, Facultad de Agronomía.
- Argel M., P. J. (2006). Contribución de los forrajes mejorados a la productividad ganadera en sistemas de doble propósito. *Archivos Latinoamericanos de Producción Animal*. <https://cgspace.cgiar.org/handle/10568/44266>
- Arya, S. S., Salve, A. R., & Chauhan, S. (2016). Peanuts as functional food: A review. *Journal of Food Science and Technology*, 53(1), 31-41. <https://doi.org/10.1007/s13197-015-2007-9>
- Barreto Mendizábal, L. (2014). *Poco ruido y mucho maní: El caso de los productores familiares maniseros del noreste de Cerro Largo*.
- Barros Santos, M. C., Ribeiro da Silva Lima, L., Ramos Nascimento, F., Pimenta do Nascimento, T., Cameron, L. C., & Simões Larráz Ferreira, M. (2019). Metabolomic approach for characterization of phenolic compounds in

- different wheat genotypes during grain development. *Food Research International*, 124, 118-128. <https://doi.org/10.1016/j.foodres.2018.08.034>
- Berg, T. (2009). Landraces and folk varieties: A conceptual reappraisal of terminology. *Euphytica*, 166(3), 423-430. <https://doi.org/10.1007/s10681-008-9829-8>
- Berretta, A., Condon, F., & Rivas, M. (2007). *SEGUNDO INFORME PAÍS SOBRE EL ESTADO DE LOS RECURSOS FITOGÉNÉTICOS PARA LA ALIMENTACIÓN Y LA AGRICULTURA - REPÚBLICA ORIENTAL DEL URUGUAY - 2007*. <https://doi.org/10.13140/RG.2.2.20503.98720>
- Bertioli, D. J., Cannon, S. B., Froenicke, L., Huang, G., Farmer, A. D., Cannon, E. K. S., Liu, X., Gao, D., Clevenger, J., Dash, S., Ren, L., Moretzsohn, M. C., Shirasawa, K., Huang, W., Vidigal, B., Abernathy, B., Chu, Y., Niederhuth, C. E., Umale, P., ... Ozias-Akins, P. (2016). The genome sequences of *Arachis duranensis* and *Arachis ipaensis*, the diploid ancestors of cultivated peanut. *Nature Genetics*, 48(4), Article 4. <https://doi.org/10.1038/ng.3517>
- Bertioli, D. J., Jenkins, J., Clevenger, J., Dudchenko, O., Gao, D., Seijo, G., Leal-Bertioli, S. C. M., Ren, L., Farmer, A. D., Pandey, M. K., Samoluk, S. S., Abernathy, B., Agarwal, G., Ballén-Taborda, C., Cameron, C., Campbell, J., Chavarro, C., Chitikineni, A., Chu, Y., ... Schmutz, J. (2019). The genome

- sequence of segmental allotetraploid peanut *Arachis hypogaea*. *Nature Genetics*, 51(5), Article 5. <https://doi.org/10.1038/s41588-019-0405-z>
- Bertioli, D. J., Seijo, G., Freitas, F. O., Valls, J. F. M., Leal-Bertioli, S. C. M., & Moretzsohn, M. C. (2011). An overview of peanut and its wild relatives. *Plant Genetic Resources*, 9(1), 134-149. <https://doi.org/10.1017/S1479262110000444>
- Billet, K., Houillé, B., Dugé de Bernonville, T., Besseau, S., Oudin, A., Courdavault, V., Delanoue, G., Guérin, L., Clastre, M., Giglioli-Guivarc'h, N., & Lanoue, A. (2018). Field-Based Metabolomics of *Vitis vinifera* L. Stems Provides New Insights for Genotype Discrimination and Polyphenol Metabolism Structuring. *Frontiers in Plant Science*, 9. <https://www.frontiersin.org/articles/10.3389/fpls.2018.00798>
- Bonku, R., & Yu, J. (2020). Health aspects of peanuts as an outcome of its chemical composition. *Food Science and Human Wellness*, 9(1), 21-30.
- Boote, K. J. (1982). Growth stages of peanut (*Arachis hypogaea* L.). *Peanut science*, 9(1), 35-40.
- Borges, W. L. (2006). *Análise da variabilidade genética e avaliação da fixação biológica de nitrogênio entre acessos de amendoim (Arachis hypogaea L.)*. <https://tede.ufrrj.br/handle/tede/238>

- Burow, M. D., Simpson, C. E., Faries, M. W., Starr, J. L., & Paterson, A. H. (2009). Molecular biogeographic study of recently described B- and A-genome *Arachis* species, also providing new insights into the origins of cultivated peanut. *Genome*, *52*(2), 107-119. <https://doi.org/10.1139/G08-094>
- Busconi, M., Lucini, L., Soffritti, G., Bernardi, J., Bernardo, L., Brunschwig, C., Lepers-Andrzejewski, S., Raharivelomanana, P., & Fernandez, J. A. (2017). Phenolic Profiling for Traceability of *Vanilla tahitensis*. *Frontiers in Plant Science*, *8*, 1746. <https://doi.org/10.3389/fpls.2017.01746>
- Caballero, L., Peña, R. J., Martín, L. M., & Alvarez, J. B. (2010). Characterization of Mexican Creole wheat landraces in relation to morphological characteristics and HMW glutenin subunit composition. *Genetic Resources and Crop Evolution*, *57*(5), 657-665. <https://doi.org/10.1007/s10722-009-9501-8>
- Chandran, K., & Pandya, S. M. (2000). Morphological characterization of *Arachis* species of section *Arachis*. *Plant Genet. Res. News*, *121*.
- Craig, A., Cloarec, O., Holmes, E., Nicholson, J. K., & Lindon, J. C. (2006). Scaling and normalization effects in NMR spectroscopic metabonomic data sets. *Analytical chemistry*, *78*(7), 2262-2267.

- Cuchman, A., & Peñalva, M. (1989). *Efecto de la densidad de siembra y distribución en el rendimiento de variedades de maní y sus componentes* [Thesis]. Tesis Ing. Agr., Montevideo, Uruguay, Facultad de Agronomía.
- Custodio, A. R., Schmidt, A. B., Moretzsohn, M. de C., & Valls, J. F. M. (2023). Genetic relationships of *Arachis* (Fabaceae) accessions based on microsatellite markers. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 70(6), 1879-1893. <https://doi.org/10.1007/s10722-023-01545-4>
- Daigle, D. J., Conkerton, E. J., Hammons, R. O., & Branch, W. D. (1983). A preliminary classification of selected white testa peanuts (*Arachis hypogaea* L.) by flavonoid analysis. *Peanut Science*, 10(1), 40-43.
- del Puerto, L., & Campos, S. (1999). Silicofitolitos: Un abordaje alternativo de la problemática arqueobotánica del Este de Uruguay. *En los tres reinos: prácticas de recolección en el Cono Sur de América*, 141-150.
- Dieterle, F., Ross, A., Schlotterbeck, G., & Senn, H. (2006). Probabilistic quotient normalization as robust method to account for dilution of complex biological mixtures. Application in ¹H NMR metabonomics. *Analytical chemistry*, 78(13), 4281-4290.
- Ferguson, M. E., Bramel, P. J., & Chandra, S. (2004). Gene diversity among botanical varieties in peanut (*Arachis hypogaea* L.). *Crop Science*, 44(5), 1847-1854.

- Ferguson, M. E., Jarvis, A., Stalker, H. T., Williams, D. E., Guarino, L., Valls, J. F. M., Pittman, R. N., Simpson, C. E., & Bramel, P. J. (2005). Biogeography of wild *Arachis* (Leguminosae): distribution and environmental characterisation. *Biodiversity and Conservation*, 14(7), 1777-1798. <https://doi.org/10.1007/s10531-004-0699-7>
- Fernández, A., & Krapovickas, A. (1994). Cromosomas Y Evolucion En «*Arachis* (leguminosae)». *Bonplandia*, 8(1/4), 187-220.
- Frédérich, M., Wauters, J.-N., Tits, M., Jason, C., Tullio, P. de, Heyden, Y. V. der, Fan, G., & Angenot, L. (2011). Quality Assessment of *Polygonum cuspidatum* and *Polygonum multiflorum* by ¹H NMR Metabolite Fingerprinting and Profiling Analysis. *Planta Medica*, 77(1), 81-86. <https://doi.org/10.1055/s-0030-1250132>
- Freitas, F. O., Moretzsohn, M. C., & Valls, J. F. M. (2007). *Genetic variability of Brazilian Indian landraces of Arachis hypogaea L.*
- Friedrich, E. C. (1986). Runkle, KG] *Chem. Educ*, 63, 127-129.
- Galván, G., González, H., Vilaró, F., Barreto, M., del Campo, F., Arias, M., Curbelo, N., & Salvo, G. (2015). Valoración de las semillas criollas y recursos genéticos nativos del Uruguay. *Montevideo, Facultad de Agronomía.*

- García, A. V., Ortiz, A. M., & Lavia, G. I. (2014). AVANCES EN EL ESTUDIO DEL ORIGEN DE *Arachis hypogaea* L. MEDIANTE CRUZAMIENTOS INTERESPECÍFICOS. *NÚMEROS*, 105, 4.
- Giayetto, O. (2017). *El cultivo de maní en Córdoba*. (Segunda Edición ampliada). Las Higueras, Córdoba (Argentina).
- Gibbons, R. W., Bunting, A. H., & Smartt, J. (1972). The classification of varieties of groundnut (*Arachis hypogaea* L.). *Euphytica*, 21(1), 78-85.
<https://doi.org/10.1007/BF00040550>
- Gregory, W. C., Krapovickas, A., & Gregory, M. P. (1980). Structure, variation, evolution, and classification in *Arachis*. *Structure, Variation, Evolution, and Classification in Arachis.*, 469-481.
- Gunther, H., Guenther, H., & Gunther, H. (1980). *NMR spectroscopy: An introduction*. Wiley Chichester.
- Hackstadt, A. J., & Hess, A. M. (2009). Filtering for increased power for microarray data analysis. *BMC Bioinformatics*, 10(1), 11. <https://doi.org/10.1186/1471-2105-10-11>
- Halward, T. M., & Stalker, H. T. (1987). Incompatibility Mechanism in Interspecific Peanut Hybrids1. *Crop Science*, 27(3), crops1987.0011183X002700030006x.
<https://doi.org/10.2135/crops1987.0011183X002700030006x>

- Hammons, R. O., Herman, D., & Stalker, H. T. (2016a). Chapter 1—Origin and Early History of the Peanut. En H. T. Stalker & R. F. Wilson (Eds.), *Peanuts* (pp. 1-26). AOCS Press. <https://doi.org/10.1016/B978-1-63067-038-2.00001-0>
- Hammons, R. O., Herman, D., & Stalker, H. T. (2016b). Chapter 1—Origin and Early History of the Peanut. En H. T. Stalker & R. F. Wilson (Eds.), *Peanuts* (pp. 1-26). AOCS Press. <https://doi.org/10.1016/B978-1-63067-038-2.00001-0>
- Herselman, L. (2003). Genetic variation among Southern African cultivated peanut (*Arachis hypogaea* L.) genotypes as revealed by AFLP analysis. *Euphytica*, 133(3), 319-327. <https://doi.org/10.1023/A:1025769212187>
- Hou, M., Mu, G., Zhang, Y., Cui, S., Yang, X., & Liu, L. (2017). Evaluation of total flavonoid content and analysis of related EST-SSR in Chinese peanut germplasm. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 17, 221-227.
- IBPGR, I. (1992). Descriptors for groundnut. *International Board for Plant Genetic Resources, Rome, Italy. International Crops Research Institute for the Semi-Arid Tropics, Patancheru, India.*
- Iriarte, J., Holst, I., Lopez, J., & Cabrera, L. (2001). *Subtropical wetland adaptations in Uruguay during the Mid-Holocene: An archaeobotanical perspective.*
- Jacobus, A. L., Mentz Ribeiro, P. A., & Copé, S. M. (1991). *Arqueología Pre-historicaDo Rio Grande do Sul. Jacoby, Roque,.*

- Jimenez-Lopez, J. C., Singh, A., Raina, S. N., Sharma, M., Chaudhary, M., Sharma, S., & Rajpal, V. R. (2021). Grain and Seed Proteins Functionality. En *Grain and Seed Proteins Functionality*. IntechOpen.
<https://doi.org/10.5772/intechopen.87503>
- Juliano, F. F., Alvarenga, J. F. R., Lamuela-Raventos, R. M., Massarioli, A. P., Lima, L. M., Santos, R. C., & Alencar, S. M. (2020). Polyphenol analysis using high-resolution mass spectrometry allows differentiation of drought tolerant peanut genotypes. *Journal of the Science of Food and Agriculture*, 100(2), 721-731.
<https://doi.org/10.1002/jsfa.10075>
- Kochert, G., Stalker, H. T., Gimenes, M., Galgaro, L., Lopes, C. R., & Moore, K. (1996). RFLP and cytogenetic evidence on the origin and evolution of allotetraploid domesticated peanut, *Arachis hypogaea* (Leguminosae). *American Journal of Botany*, 83(10), 1282-1291.
- Krapovickas, A., & Gregory, W. C. (1994). Taxonomia Del Genero «*Arachis* (leguminosae)». *Bonplandia*, 8(1/4), 1-186.
- Krapovickas, A., Gregory, W. C., Williams, D. E., & Simpson, C. E. (2007). Taxonomy of the Genus *Arachis* (leguminosae). *Bonplandia*, 16, 7-205.
- Kritchevsky, D., Tepper, S. A., Vesselinovitch, D., & Wissler, R. W. (1973). Cholesterol vehicle in experimental atherosclerosis Part 13. Randomized

peanut oil. *Atherosclerosis*, 17(2), 225-243. [https://doi.org/10.1016/0021-9150\(73\)90090-7](https://doi.org/10.1016/0021-9150(73)90090-7)

Leal-Bertioli, S. C. M., Nascimento, E. F. M. B., Chavarro, M. C. F., Custódio, A. R., Hopkins, M. S., Moretzsohn, M. C., Bertioli, D. J., & Araújo, A. C. G. (2021). Spontaneous generation of diversity in *Arachis neopolyploids* (*Arachis ipaënsis* × *Arachis duranensis*)4x replays the early stages of peanut evolution. *G3: Genes | Genomes | Genetics*, 11(11), jkab289. <https://doi.org/10.1093/g3journal/jkab289>

Lopes, R. M., Agostini-Costa, T. da S., Gimenes, M. A., & Silveira, D. (2011). Chemical Composition and Biological Activities of *Arachis* Species. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 59(9), 4321-4330. <https://doi.org/10.1021/jf104663z>

Lou, H., Yuan, H., Ma, B., Ren, D., Ji, M., & Oka, S. (2004). Polyphenols from peanut skins and their free radical-scavenging effects. *Phytochemistry*, 65(16), 2391-2399.

Lu, Q., Li, H., Hong, Y., Zhang, G., Wen, S., Li, X., Zhou, G., Li, S., Liu, H., Liu, H., Liu, Z., Varshney, R. K., Chen, X., & Liang, X. (2018). Genome Sequencing and Analysis of the Peanut B-Genome Progenitor (*Arachis ipaënsis*). *Frontiers in Plant Science*, 9. <https://www.frontiersin.org/articles/10.3389/fpls.2018.00604>

- Macar, T. K., Macar, O., Çil, A. N., Oluk, C. A., & Çil, A. (2018). Assessment of Peanut (*Arachis hypogaea* L.) Genotypes in Terms of Some Nutritional and Antioxidant Parameters. *Süleyman Demirel Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Dergisi*, 22(3), Article 3. <https://doi.org/10.19113/sdufenbed.471805>
- Makinde, S. C. O., & Ariyo, O. J. (2010). Multivariate analysis of genetic divergence in twenty-two genotypes of groundnut (*Arachis hypogaea* L.). *Journal of Plant Breeding and Crop Science*, 2(7), 192-204.
- Mazz, J. M. L., Dabezies, J. M., & Capdepon, I. (2014). La gestión de recursos vegetales en las poblaciones prehistóricas de las tierras bajas del sureste del Uruguay: Un abordaje multidisciplinar. *Latin American Antiquity*, 25(3), 256-277.
- MGAP, (Ministerio Ganadería Agricultura y Pesca). (1973). *Censo general agropecuario (CGA), 1970*.
- MGAP, (Ministerio Ganadería Agricultura y Pesca). (1983). *Censo General Agropecuario 1980. República Oriental del Uruguay*.
- MGAP, (Ministerio Ganadería Agricultura y Pesca). (2013). *Censo General Agropecuario 2011. República Oriental del Uruguay*.
- Millot, J. C., & Cairús, E. (1985). Informe Preliminar. GERMOPLASMA NACIONAL DE MANI. FACULTAD DE AGRONOMIA/IBPGR.

- Montcho, D., Gbénou, P., Missihoun, A. A., Assogba, F., Hodehou, D. A., Gandonou, C., & Agbangla, C. (2021). Morphological diversities and associated preference traits in Peanut (*Arachis hypogaea* L.) landraces from central and southern Benin. *International Journal of Biological and Chemical Sciences*, 15(3), 1050-1061.
- Munsell, A. H. (2013). *Munsell Soil Color Charts: With Genuine Munsell* Color Chips*. Munsell Color.
- Naya, I., (2023). *Buscando el maní perdido: estudio de la diversidad genética y estado de conservación de Arachis hypogaea en Uruguay*. Tesis de Maestría en Bioinformática, PEDECIBA, Universidad de la República, Montevideo, Uruguay.
- Ortiz, A., Chalup, L., Silvestri, M. C., Seijo, G., & Lavia, G. I. (2023). Genomic relationships of the polyploid rhizoma peanut (*Arachis glabrata* Benth.) inferred by genomic in situ hybridization (GISH). *Anais da Academia Brasileira de Ciências*, 95, e20210162.
- Pang, Z., Chong, J., Zhou, G., de Lima Morais, D. A., Chang, L., Barrette, M., Gauthier, C., Jacques, P.-É., Li, S., & Xia, J. (2021). MetaboAnalyst 5.0: Narrowing the gap between raw spectra and functional insights. *Nucleic Acids Research*, 49(W1), W388-W396. <https://doi.org/10.1093/nar/gkab382>

- Pascual, von C., Meier, J., & Simon, W. (1966). Regel zur Abschätzung der chemischen Verschiebung von Protonen an einer Doppelbindung. *Helvetica Chimica Acta*, 49(1), 164-168.
- Pasupuleti, J., & Nigam, S. N. (2013). Phenotyping for Groundnut (*Arachis hypogaea* L.) Improvement. En S. K. Panguluri & A. A. Kumar (Eds.), *Phenotyping for Plant Breeding: Applications of Phenotyping Methods for Crop Improvement* (pp. 129-167). Springer. https://doi.org/10.1007/978-1-4614-8320-5_5
- Peñaloza, A. D. P. D. S., & Valls, J. F. M. (2005). Chromosome Number and Satellited Chromosome Morphology of Eleven Species of *Arachis* (leguminosae). *Bonplandia*, 14(1/2), 65-72.
- Pereira, G. (1995). Cultivo de maní. *INIA Boletín de divulgación*, 48.
- Rao, V. R. (1987). *Origin, Distribution, and Taxonomy of Arachis and Sources of Resistance to Groundnut Rust (Puccinia arachidis Speg.)*. 3-15. <http://oar.icrisat.org/4458/>
- Reed, K. A. (2009). *Identification of phenolic compounds from peanut skin using HPLC-MSn* [PhD Thesis]. Virginia Tech.
- Ren, X., Jiang, H., Yan, Z., Chen, Y., Zhou, X., Huang, L., Lei, Y., Huang, J., Yan, L., Qi, Y., Wei, W., & Liao, B. (2014). Genetic Diversity and Population Structure of the Major Peanut (*Arachis hypogaea* L.) Cultivars Grown in China by SSR

<https://doi.org/10.1371/journal.pone.0088091>

Ressler, P. M. (1980). A review of the nomenclature of the genus *Arachis* L. *Euphytica*, 29(3), 813-817. <https://doi.org/10.1007/BF00023229>

Řezanka, T., Kolouchová, I., Gharwalová, L., & Sigler, K. (2018). Chapter 1—Metabolic Screening of Wine (Grapevine) Resveratrol. En Atta-ur-Rahman (Ed.), *Studies in Natural Products Chemistry* (Vol. 59, pp. 1-30). Elsevier. <https://doi.org/10.1016/B978-0-444-64179-3.00001-3>

Rocha, R., & Valls, J. F. M. (2017). *O gênero Arachis L.(Fabaceae) no Rio Grande do Sul*.

Sales, J. M., & Resurreccion, A. V. A. (2010). Phenolic profile, antioxidants, and sensory acceptance of bioactive-enhanced peanuts using ultrasound and UV. *Food chemistry*, 122(3), 795-803.

Seijo, G. J., Atahuachi, M., Simpson, C. E., & Krapovickas, A. (2021). *Arachis inflata*: A new B genome species of *Arachis* (Fabaceae). *Bonplandia*, 30(2), 169-174.

Seijo, G., Lavia, G. I., Fernández, A., Krapovickas, A., Ducasse, D. A., Bertioli, D. J., & Moscone, E. A. (2007). Genomic relationships between the cultivated peanut (*Arachis hypogaea*, Leguminosae) and its close relatives revealed by double GISH. *American Journal of Botany*, 94(12), 1963-1971. <https://doi.org/10.3732/ajb.94.12.1963>

- Shem-Tov, Y., Badani, H., Segev, A., Hedvat, I., Galili, S., & Hovav, R. A. N. (2012). Determination of total polyphenol, flavonoid and anthocyanin contents and antioxidant capacities of skins from peanut (*Arachis hypogaea*) lines with different skin colors. *Journal of Food Biochemistry*, 36(3), 301-308.
- Simpson, C. E., Krapovickas, A., & Valls, J. F. M. (2001). History of *Arachis* Including Evidence of *A. hypogaea* L. Progenitors. *Peanut Science*, 28(2), 78-80.
<https://doi.org/10.3146/i0095-3679-28-2-7>
- Singh, A. K. (1998). Hybridization barriers among the species of *Arachis* L., namely of the sections *Arachis* (including the groundnut) and *Erectoides*. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 45(1), 41-45.
<https://doi.org/10.1023/A:1008681020851>
- Sobolev, V. S., Sy, A. A., & Gloer, J. B. (2008). Spermidine and flavonoid conjugates from peanut (*Arachis hypogaea*) flowers. *Journal of agricultural and food chemistry*, 56(9), 2960-2969.
- Stacklies, W., Redestig, H., Scholz, M., Walther, D., & Selbig, J. (2007). pcaMethods—A bioconductor package providing PCA methods for incomplete data. *Bioinformatics*, 23(9), 1164-1167.
- Stalker, H. T. (1983). Cytotaxonomy of *Arachis*. *Cytogenetics of Arachis*, 65.

- Stalker, H. T. (1997). Peanut (*Arachis hypogaea* L.). *Field Crops Research*, 53(1), 205-217. [https://doi.org/10.1016/S0378-4290\(97\)00032-4](https://doi.org/10.1016/S0378-4290(97)00032-4)
- Suchoszek-Łukaniuk, K., Jaromin, A., Korycińska, M., & Kozubek, A. (2011). Chapter 103—Health Benefits of Peanut (*Arachis hypogaea* L.) Seeds and Peanut Oil Consumption. En V. R. Preedy, R. R. Watson, & V. B. Patel (Eds.), *Nuts and Seeds in Health and Disease Prevention* (pp. 873-880). Academic Press. <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-375688-6.10103-3>
- Szymańska, E., Saccenti, E., Smilde, A. K., & Westerhuis, J. A. (2012). Double-check: Validation of diagnostic statistics for PLS-DA models in metabolomics studies. *Metabolomics*, 8(Suppl 1), 3-16. <https://doi.org/10.1007/s11306-011-0330-3>
- Tallury, S., Hilu, K., Milla, S., Friend, S., Alsaghir, M., Stalker, H., & Quandt, D. (2005). Genomic affinities in *Arachis* section *Arachis* (Fabaceae): Molecular and cytogenetic evidence. *Theoretical and Applied Genetics*, 111(7), 1229-1237. <https://doi.org/10.1007/s00122-005-0017-0>
- Ullah, S., Hussain, S. A., Shaukat, F., Hameed, A., Yang, W., & Song, Y. (2019). Antioxidant potential and the characterization of *Arachis hypogaea* roots. *BioMed Research International*, 2019.

- USDA. (2023, marzo 8). *Oilseeds: World Markets and Trade*. USDA Foreign Agricultural Service. <https://www.fas.usda.gov/data/oilseeds-world-markets-and-trade>
- Valls, J. F. M., Da Costa, L. C., & Custodio, A. R. (2013). A Novel Trifoliolate Species of *Arachis* (fabaceae) and Further Comments on the Taxonomic Section *Trirectoides*. *Bonplandia*, 22(1), 91-97.
- Valls, J. F. M., & Simpson, C. E. (2005). New Species of *Arachis* (leguminosae) from Brazil, Paraguay and Bolivia. *Bonplandia*, 14(1/2), 35-63.
- Valls, J. F., & Simpson, C. E. (2017). A new species of *Arachis* (Fabaceae) from Mato Grosso, Brazil, related to *A. matiensis*. *Bonplandia*, 26(2), 143-149.
- Van den Berg, R. A., Hoefsloot, H. C., Westerhuis, J. A., Smilde, A. K., & Van der Werf, M. J. (2006). Centering, scaling, and transformations: Improving the biological information content of metabolomics data. *BMC genomics*, 7, 1-15.
- Vasanthi, R. P., Suneetha, N., & Sudhakar, P. (2015). Genetic variability and correlation studies for morphological, yield and yield attributes in groundnut (*Arachis hypogaea* L.). *Legume Research-An International Journal*, 38(1), 9-15.
- VEIGA, R., GODOY, I., SAVY-FILHO, A., GERIN, M., & VALLS, J. (1986). Descritores de amendoim (*Arachis hypogaea* L.) utilizados no Instituto

- Agronômico de Campinas. Campinas: Instituto Agronômico, 1986. 21p.
Boletim Técnico, 28, 21.
- Villa, T. C. C., Maxted, N., Scholten, M., & Ford-Lloyd, B. (2005). Defining and identifying crop landraces. *Plant Genetic Resources*, 3(3), 373-384.
<https://doi.org/10.1079/PGR200591>
- Waffo-Tégou, P., Krisa, S., Pawlus, A. D., Richard, T., Monti, J.-P., & Mérillon, J.-M. (2013). Grapevine stilbenoids: Bioavailability and neuroprotection. *Natural Products: Phytochemistry, Botany and Metabolism of Alkaloids, Phenolics and Terpenes*, 2275-2309.
- Wang, M. L., Gillaspie, A. G., Morris, J. B., Pittman, R. N., Davis, J., & Pederson, G. A. (2008). Flavonoid content in different legume germplasm seeds quantified by HPLC. *Plant Genetic Resources*, 6(1), 62-69.
- Wang, M. L., Sukumaran, S., Barkley, N. A., Chen, Z., Chen, C. Y., Guo, B., Pittman, R. N., Stalker, H. T., Holbrook, C. C., Pederson, G. A., & Yu, J. (2011). Population structure and marker-trait association analysis of the US peanut (*Arachis hypogaea* L.) mini-core collection. *Theoretical and Applied Genetics*, 123(8), 1307-1317. <https://doi.org/10.1007/s00122-011-1668-7>
- Williams, D. E. (2022). *Global strategy for the conservation and use of peanut genetic resources*. Zenodo. <https://doi.org/10.5281/zenodo.7545106>

- Wynne, J. C. (1975). Inheritance of Branching Pattern in *Arachis hypogaea* L.1. *Peanut Science*, 2(1), 1-5. <https://doi.org/10.3146/i0095-3679-2-1-1>
- Yin, D., Ji, C., Ma, X., Li, H., Zhang, W., Li, S., Liu, F., Zhao, K., Li, F., Li, K., Ning, L., He, J., Wang, Y., Zhao, F., Xie, Y., Zheng, H., Zhang, X., Zhang, Y., & Zhang, J. (2018). Genome of an allotetraploid wild peanut *Arachis monticola*: A de novo assembly. *GigaScience*, 7(6), giy066. <https://doi.org/10.1093/gigascience/giy066>
- Zeven, A. C. (1998). Landraces: A review of definitions and classifications. *Euphytica*, 104(2), 127-139. <https://doi.org/10.1023/A:1018683119237>

ANEXOS

ANEXO 1: Scripts de R utilizados en el análisis de los datos obtenidos de la caracterización morfológica

Anovas para variables cuantitativas:

```
m1 <- aov(descriptor ~ Variedad, data = datos)
```

```
summary(m1)
```

Tukey:

```
TUKEY <- TukeyHSD(m1, "Variedad", conf.level = 0.95)
```

```
plot(TUKEY, las = 2, col = "brown")
```

```
generate_label_df <- function(TUKEY, variable) {Tukey.levels <-  
TUKEY[[variable]][, 4] Tukey.labels  
<- data.frame(multcompLetters(Tukey.levels)["Letters"])
```

```
Tukey.labels$treatment = rownames(Tukey.labels)
```

```
Tukey.labels = Tukey.labels[order(Tukey.labels$treatment),]
```

```
return(Tukey.labels)}
```

Variables no normales:

```
KW <- kruskal.test(Descriptor ~ Var, data = df)
```

```
print(KW)
```

Test de Bonferroni:

```
kw<-kruskal(df$Descriptor,df$Var,group=TRUE,p.adj="bonferroni")
```

```
kwc <- kw$groups kwtabla <- group_by(df,Var) %>%  
summarise(median=median(Descriptor,na.rm=T),quant=quantile(PV,probs=0.75,na  
.rm=T)) %>% arrange(desc(median))
```

```
kwtabla <- kwtabla[match(rownames(kwc), kwtabla$Var),]
```

```
kwtabla$Letters <- kwc$groups
```

```
print(kwtabla)
```

VARIABLES CUANTITATIVAS ANIDADAS:

```
AnovaDescriptor <- aov(Descriptor ~ Var+Planta_V,data=df)
summary(anovaDescriptor)
```

Variables discretas utilizando chi-cuadrado:

Se crea tabla de contingencia:

```
tc <- table(df$Var,df$Descriptor)
chisq <- chisq.test(tc,simulate.p.value = TRUE)
chisq
```

VARIABLES CUALITATIVAS ANIDADAS:

```
fm1 <- clm(Descriptor ~ Var + Planta_V, data=df)
```

ANÁLISIS MULTIVARIADO:

```
res.famd <- FAMD (dat, ncp = 7, sup.var = NULL, ind.sup = NULL, graph = F)
ind <- get_famd_ind(res.famd)
indfviz_famd_ind(res.famd, col.ind = "contrib",
  gradient.cols = c("#00AFBB", "#E7B800", "#FC4E07"), repel = TRUE)
```

ANEXO 2: Comparaciones por Tukey para descriptores cuantitativos

Tabla 1: Medias y resultado del análisis de Tukey para los descriptores cuantitativos con variedad criolla como variable de clasificación. **HP:** Altura de la planta (cm). **LV:** Largo de vaina (cm). **PPV:** Peso promedio de vaina (g). **P10G:** Peso de 10 granos (g). **AP:** Ancho de la planta (cm). **Afoliolo:** Ancho de folíolo (cm). **Lfoliolo:** Largo de folíolo (cm). **PV:** Peso de vaina (g). **NR1:** Número de ramas primarias. **AV:** Ancho de vaina (cm). **NGV:** Número de granos por vaina.

VA R	HP	LV	PPV	P10 G	AP	Afolio lo	Lfolio lo	PV	NR 1	AV	NG V
ARX C08 A	7.06, h	41.2, bc	2.07, bc	4.22, def	9.44, j	2.37, defg	4.12, fg	8.45, fgh	4, fgh	14.5, ac	2.55, bd
ARX C08 B	8.90, fg	32.1, d	1.52, f	4.87, abcd e	17.3, bcd	2.35, efg	4.43, efg	19.6, abcd	5, f	13.2, bc	2.08, cd
ARX C08 C	10.2, cde	36.7, bd	1.68, ef	4.53, cdef	14.6, fghi	2.18, gh	4.54, def	11.9, efgh	5, g	13.8, ac	2.28, ad
ARX C08 D	7.95, gh	37.8, bd	1.75, cdef	4.64, bcde	12.9, i	2.39, cdefg	4.21, efg	16.7, bcde	5, f	13.1, bc	2.88, ab
ARX C080 9	10.4, cd	35.2, bd	1.47, f	4.32, cdef	15.6, defg h	2.1, h	4.22, efg	15.6, bcde fg	5.5, d	13.0, bc	2.56, bd
CLX C11	9.60, def	39.2, bd	1.78, cdef	4.96, abcd	16.0, defg	2.23, gh	4.3, efg	14.7, cdef gh	4, h	14.5, ac	2.02, d
CLX C12	9.65, def	43.0, ab	2.40, ab	5.64, a	16.8, bcde f	2.84, a	5.42, a	20.8, ab	7.5, a	14.9, ab	2.90, ab
CLX C13	9.33, def	38.5, bd	1.91, cde	4.58, bcde f	13.2, hi	2.53, bcde	4.56, def	15.0, cdef gh	5, fgh	13.7, ac	2.86, abc
CLX C14	11.9, b	34.2, cd	1.60, ef	4.67, bcde	18.7, abc	2.68, ab	4.98, abcd	13.6, defg h	6, de	14.2, ac	2.19, ad
CLX C16	9.60, def	32.6, cd	1.66, ef	4.97, abcd	14.5, fghi	2.32, efg	4.37, efg	13.4, bcde fgh	5, h	13.6, ac	2.44, bd

CLX C17	9.25, def	38.0, bd	1.71, def	3.97, efg	16.2, cdef g	2.6, bc	5.04, abc	16.5, bcde f	6.5, abc	14.1, ac	2.32, ad
LAX C01	10.2, cde	32.2, cd	1.62, ef	4.63, bcde	19.9, a	2.57, bcd	4.91, bcd	19.6, abc	5.5, abc	12.8, c	2.36, bd
PAX 03	13.6, a	36.5, bd	1.64, ef	4.48, cdef	19.1, ab	2.46, cdef	4.56, def	14.6, cdef gh	5, cde f	13.3, bc	2.58, bd
PAX 04	8.25, fgh	33.0, acd	1.48, f	3.02, g	13.0, hi	2.4, cdefg	4.68, cde	6.7, gh	4.5, gh	12.8, bc	2.52, bd
PAX 05	9.40, def	40.2, bd	2.04, cd	5.24, abc	14.6, efgh i	2.47, bcdef	4.46, ef	15.8, abcd	6, abc	13.7, ac	2.86, abc
PAX 06	8.85, fg	43.8, b	2.47, a	5.46, ab	16.9, bcde f	2.84, a	5.26, ab	23.4, a	6, ab	15.5, a	3.17, b
PAX 07	11.1, bc	32.8, cd	1.48, f	3.69, fg	17.1, bcde	2.34, efg	3.99, g	12.3, h	5, cde f	13.2, bc	2.41, bd
RNX C02	9.00, efg	36.6, bd	1.58, ef	4.13, defg	14.0, ghi	2.3, fgh	4.31, efg	9.9, fgh	4.5, fgh	12.8, c	2.47, bd

ANEXO 3: Plantas caracterizadas en el genotipado

Tabla 2: Caracteres más relevantes para describir la variedad agronómica de las plantas que se utilizaron en los análisis genotípicos.

Var	CG	Pun	Ret	Est	NGV	Tipo
PAXC06	Rojo	5	5	3	4	Valencia
PAXC06	Rojo	5	5	3	4	Valencia
PAXC06	Rojo	5	5	3	3	Valencia
PAXC06	Rojo	5	5	3	2	Valencia
PAXC06	Rojo	5	5	3	3	Valencia
ARXC08B	Rosado	5	5	5	2	Valencia
ARXC08B	Rosado	5	5	5	3	Valencia
ARXC08B	Rosado	5	5	5	3	Valencia
ARXC08B	Rosado	5	5	5	3	Valencia
ARXC08B	Rosado	5	5	7	2	Valencia
ARXC09	Rojo	5	5	5	3	Valencia
ARXC09	Rojo	5	5	5	3	Valencia
ARXC09	Rojo	5	5	3	3	Valencia
ARXC09	Rojo	5	5	5	3	Valencia
ARXC09	Rojo	5	5	7	2	Valencia
CLXC17	Rojo	5	5	3	3	Valencia
CLXC17	Rojo	5	5	0	2	Valencia
CLXC17	Rojo	5	7	5	1	Valencia
CLXC17	Rojo	3	7	5	4	Valencia

CLXC17	Rojo	3	5	9	3	Valencia
PAXC06	Rojo	5	5	3	4	Valencia
PAXC06	Rojo	5	5	3	2	Valencia
PAXC06	Rojo	5	5	3	2	Valencia
PAXC06	Rojo	5	5	7	3	Valencia
PAXC06	Rojo	5	5	3	4	Valencia
PAXC04	Rojo	3	5	3	NA	Valencia
PAXC04	Rojo	5	7	5	NA	Valencia
PAXC04	Rojo	3	5	3	NA	Valencia
PAXC04	Rojo	5	5	3	NA	Valencia
PAXC04	Rojo	NA	NA	NA	NA	Valencia
PAXC03	Rojo	5	5	3	3	Valencia
PAXC03	Rojo	5	5	3	2	Valencia
PAXC03	Rojo	5	7	3	0	Valencia
PAXC03	Rojo	7	7	0	2	Valencia
PAXC03	Rojo	7	5	3	3	Valencia
LAXC01	Rojo	5	3	3	3	Valencia
LAXC01	Rojo	3	3	0	1	Valencia
LAXC01	Rojo	5	3	3	2	Valencia
LAXC01	Rojo	5	5	0	0	Valencia
LAXC01	Rojo	5	5	7	2	Valencia
RNXC02	Rojo	5	3	3	3	Valencia
RNXC02	Rojo	3	5	3	3	Valencia
RNXC02	Rojo	3	3	3	2	Valencia

RNXC02	Rojo	5	5	0	0	Valencia
RNXC02	Rojo	5	3	5	1	Valencia
PAXC04	Rojo	3	5	3	3	Valencia
PAXC04	Rojo	3	5	3	2	Valencia
PAXC04	Rojo	NA	NA	NA	NA	Valencia
PAXC04	Rojo	NA	NA	NA	NA	Valencia
PAXC04	Rojo	NA	NA	NA	NA	Valencia
PAXC04	Rojo	3	5	3	3	Valencia
PAXC04	Rojo	3	5	3	4	Valencia
PAXC04	Rojo	3	5	3	3	Valencia
PAXC04	Rojo	3	5	3	2	Valencia
PAXC04	Rojo	3	5	3	3	Valencia
LAXC01	Rojo	5	5	3	2	Valencia
LAXC01	Rojo	5	3	3	2	Valencia
LAXC01	Rojo	5	3	3	3	Valencia
LAXC01	Rojo	0	3	0	1	Valencia
LAXC01	Rojo	0	3	0	2	Valencia
PAXC04	Rojo	3	5	5	3	Valencia
PAXC04	Rojo	5	5	0	3	Valencia
PAXC04	Rojo	7	7	3	2	Valencia
PAXC04	Rojo	NA	NA	NA	NA	Valencia
PAXC04	Rojo	NA	NA	NA	NA	Valencia
LAXC01	Rojo	5	3	9	3	Valencia
LAXC01	Rojo	5	3	0	2	Valencia

LAXC01	Rojo	5	5	3	3	Valencia
LAXC01	Rojo	5	3	3	3	Valencia
LAXC01	Rojo	5	5	5	4	Valencia
RNXC02	Rosado	5	5	3	4	Valencia
RNXC02	Rosado	5	5	3	3	Valencia
RNXC02	Rosado	7	5	3	3	Valencia
RNXC02	Rosado	9	5	5	0	Valencia
RNXC02	Rosado	NA	5	3	2	Valencia
RNXC02	Rosado	3	3	5	3	Valencia
RNXC02	Rosado	3	3	5	2	Valencia
RNXC02	Rosado	3	3	5	3	Valencia
RNXC02	Rosado	7	3	5	3	Valencia
RNXC02	Rosado	5	3	7	2	Valencia
PAXC05	Rojo	5	3	3	2	Valencia
PAXC05	Rojo	5	5	3	4	Valencia
PAXC05	Rojo	5	5	3	4	Valencia
PAXC05	Rojo	5	5	3	3	Valencia
PAXC05	Rojo	5	5	3	4	Valencia
PAXC07	Rosado	5	5	5	2	Valencia
PAXC07	Rojo	5	5	3	3	Valencia
PAXC07	Rojo	5	5	3	4	Valencia
PAXC07	Rojo	5	5	3	3	Valencia
PAXC07	Rojo	5	5	3	3	Valencia
PAXC07	Rojo	5	5	3	1	Valencia

ARXC08D	Rojo	5	5	3	4	Valencia
ARXC08D	Rojo	5	5	3	4	Valencia
ARXC08D	Rojo	5	5	3	3	Valencia
ARXC08D	Rojo	5	5	3	2	Valencia
ARXC08D	Rojo	5	5	0	1	Valencia
ARXC08B	Rojo	5	5	3	3	Valencia
ARXC08B	Rojo	5	5	3	4	Valencia
ARXC08B	Rojo	5	3	0	1	Valencia
ARXC08B	Rojo	5	5	5	2	Valencia
ARXC08B	Rojo	5	5	5	1	Valencia
CLXC14	Rojo	9	5	3	2	Valencia
CLXC14	Rojo	5	5	0	2	Valencia
CLXC14	Rojo	3	5	0	2	Valencia
CLXC14	Rojo	7	5	0	3	Valencia
CLXC14	Rojo	3	5	0	2	Valencia
CLXC14	Rojo	3	5	3	3	Valencia
CLXC14	Rojo	5	7	0	2	Valencia
CLXC14	Rojo	3	3	3	3	Valencia
CLXC14	Rojo	3	3	3	3	Valencia
CLXC14	Rojo	3	7	0	1	Valencia
CLXC14	Rojo	3	5	3	3	Valencia
CLXC14	Rojo	3	5	2	3	Valencia
CLXC14	Rojo	3	5	3	3	Valencia
CLXC14	Rojo	3	5	3	2	Valencia

CLXC14	Rojo	3	3	0	1	Valencia
PAXC06	Rojo	5	5	3	2	Valencia
PAXC06	Rojo	5	5	3	3	Valencia
PAXC06	Rojo	5	5	3	3	Valencia
PAXC06	Rojo	5	5	3	2	Valencia
PAXC06	Rojo	5	5	7	3	Valencia
ARXC08A	NA	7	7	9	3	Valencia
ARXC08A	NA	9	5	9	3	Valencia
ARXC08A	NA	5	5	3	2	Valencia
ARXC08A	NA	NA	NA	NA	NA	Valencia
ARXC08A	NA	NA	NA	NA	NA	Valencia
CLXC12	Rojo	7	7	3	4	Valencia
CLXC12	Rojo	0	5	3	3	Valencia
CLXC12	Rojo	3	5	3	3	Valencia
CLXC12	Rojo	7	3	3	2	Valencia
CLXC12	Rojo	3	5	3	3	Valencia
CLXC12	Rojo	3	5	3	3	Valencia
CLXC12	Rojo	5	7	3	3	Valencia
CLXC12	Rojo	5	7	3	3	Valencia
CLXC12	Rojo	7	7	3	3	Valencia
CLXC12	Rojo	5	7	3	3	Valencia
CLXC12	Rojo	3	7	3	4	Valencia
CLXC12	Rojo	3	7	3	3	Valencia
CLXC12	Rojo	3	7	3	4	Valencia

CLXC12	Rojo	3	7	3	4	Valencia
CLXC12	Rojo	3	7	3	3	Valencia
LAXC01	Rojo	5	3	5	3	Valencia
LAXC01	Rojo	5	3	3	2	Valencia
LAXC01	Rojo	5	3	7	3	Valencia
LAXC01	Rojo	0	3	5	3	Valencia
LAXC01	Rojo	5	3	3	1	Valencia
CLXC14	Rojo	3	5	3	3	Valencia
CLXC14	Rojo	5	5	3	4	Valencia
CLXC14	Rojo	0	5	5	2	Valencia
CLXC14	Rojo	3	5	3	3	Valencia
CLXC14	Rojo	5	7	3	3	Valencia
PAXC06	Rojo	5	5	7	4	Valencia
PAXC06	Rojo	5	5	3	3	Valencia
PAXC06	Rojo	7	5	5	4	Valencia
PAXC06	Rojo	5	5	3	4	Valencia
PAXC06	Rojo	5	5	3	3	Valencia
ARXC08A	Rojo	7	7	5	1	Valencia
ARXC08A	Rojo	3	3	0	2	Valencia
ARXC08A	Rojo	7	7	5	3	Valencia
ARXC08A	Rojo	5	7	7	2	Valencia
ARXC08A	Rojo	0	3	3	3	Valencia
CLXC13	Rojo	5	3	3	3	Valencia
CLXC13	Rojo	5	3	3	3	Valencia

CLXC13	Rojo	5	5	3	4	Valencia
CLXC13	Rojo	5	3	3	4	Valencia
CLXC13	Rojo	5	5	3	2	Valencia
ARXC08A	Rojo	7	7	3	2	Valencia
ARXC08A	Rojo	5	5	7	3	Valencia
ARXC08A	Rojo	7	7	3	4	Valencia
ARXC08A	Rojo	9	5	5	3	Valencia
ARXC08A	Rojo	NA	7	3	2	Valencia
RNXC02	Rosado	3	3	3	3	Valencia
RNXC02	Rosado	3	3	3	3	Valencia
RNXC02	Rosado	3	3	3	4	Valencia
RNXC02	Rosado	3	3	3	2	Valencia
RNXC02	Rosado	3	3	3	2	Valencia
CLXC11	Rojo	3	5	3	4	Valencia
CLXC11	Rojo	3	5	3	2	Valencia
CLXC11	Rojo	3	5	7	1	Valencia
CLXC11	Rojo	3	5	3	2	Valencia
CLXC11	Rojo	3	5	3	2	Valencia
ARXC08A	Rojo	3	3	0	1	Valencia
ARXC08A	Rojo	5	3	0	2	Valencia
ARXC08A	Rojo	5	3	0	1	Valencia
ARXC08A	Rojo	3	5	3	2	Valencia
ARXC08A	Rojo	5	7	5	3	Valencia
ARXC08C	Rojo	5	5	0	3	Valencia

ARXC08C	Rojo	5	5	3	2	Valencia
ARXC08C	Rojo	7	5	3	3	Valencia
ARXC08C	Rojo	7	5	7	3	Valencia
ARXC08C	Rojo	7	5	5	2	Valencia
PAXC06	Rojo	5	5	3	4	Valencia
PAXC06	Rojo	5	5	3	3	Valencia
PAXC06	Rojo	5	3	3	3	Valencia
PAXC06	Rojo	5	3	3	3	Valencia
PAXC06	Rojo	5	3	3	4	Valencia
PAXC04	Rojo	5	5	3	2	Valencia
PAXC04	Rojo	3	5	3	2	Valencia
PAXC04	Rojo	5	5	3	2	Valencia
PAXC04	Rojo	3	5	3	2	Valencia
PAXC04	Rojo	3	7	0	2	Valencia
CLXC14	Rojo	3	3	5	2	Valencia
CLXC14	Rojo	3	3	0	2	Valencia
CLXC14	Rojo	3	3	5	3	Valencia
CLXC14	Rojo	3	3	0	3	Valencia
CLXC14	Rojo	3	3	0	1	Valencia
CLXC12	Rojo	5	5	3	3	Valencia
CLXC12	Rojo	5	5	5	3	Valencia
CLXC12	Rojo	3	5	3	3	Valencia
CLXC12	Rojo	5	5	9	3	Valencia
CLXC12	Rojo	3	3	0	2	Valencia

PAXC07	Rosado	5	5	3	2	Valencia
PAXC07	Rosado	5	5	3	3	Valencia
PAXC07	Rosado	5	5	3	3	Valencia
PAXC07	Rosado	NA	NA	NA	NA	Valencia
PAXC07	Rosado	NA	NA	NA	NA	Valencia
PAXC07	Rosado	5	5	3	2	Valencia
PAXC07	Rosado	5	5	5	2	Valencia
PAXC07	Rosado	5	5	3	3	Valencia
PAXC07	Rosado	5	5	3	2	Valencia
ARXC08B	Moro	5	5	7	1	Español
ARXC08B	Moro	5	5	7	2	Español
ARXC08B	Moro	5	5	5	1	Español
ARXC08B	Moro	5	5	5	2	Español
ARXC08B	Moro	5	7	5	2	Español
PAXC07	Moro	5	5	5	2	Español
PAXC07	Moro	5	5	5	2	Español
PAXC07	Moro	5	5	5	2	Español
PAXC07	Moro	5	5	7	2	Español
PAXC07	Moro	5	5	7	2	Español
ARXC08B	Moro	5	5	0	1	Español
ARXC08B	Moro	5	5	5	2	Español
ARXC08B	Moro	5	5	7	2	Español
ARXC08B	Moro	5	5	5	2	Español
ARXC08B	Moro	5	5	7	2	Español

ARXC08B	Moro	3	5	5	2	Español
ARXC08B	Moro	5	5	5	2	Español
ARXC08B	Moro	5	5	7	2	Español
ARXC08B	Moro	5	7	7	2	Español
ARXC08B	Moro	7	7	9	1	Español
ARXC09	Rojo	5	7	5	2	Español
ARXC09	Rojo	5	5	5	2	Español
ARXC09	Rojo	5	5	5	2	Español
ARXC09	Rojo	5	7	5	4	Español
ARXC09	Rojo	5	5	7	2	Español
PAXC07	Moro	5	5	5	2	Español
PAXC07	Moro	5	5	5	2	Español
PAXC07	Moro	5	5	5	2	Español
PAXC07	Moro	5	5	5	2	Español
PAXC07	Moro	5	5	5	2	Español

ANEXO 4: Clasificación de todas las plantas del ensayo en variedades agronómicas

Tabla 3: Clasificación del total de las plantas del ensayo según sus caracteres morfológicos de vaina y grano. Se marcaron en amarillo aquellas plantas que tenían más probabilidad de pertenecer a uno de los dos tipos agronómicos, pero que tenían algún carácter que no era el más esperable para esa variedad. Se marcaron en anaranjado aquellas vainas que no presentaban suficientes datos para ser clasificadas, pero que podía asumirse a qué tipo agronómico pertenecían porque se conocía el tipo agronómico para otras vainas de esa misma planta.

Var. Variedad. **CG.** Color de grano. **Pun.** Punta. **Ret.** Reticulación. **Est.** Estrangulamiento. **NGV.** Número de granos por vaina. **R. Gen.** Resultados según genotipado. **R. Mor.** Resultados según caracteres morfológicos

Var	Planta	CG	Pun	Ret	Est	NGV	R. Gen	R. Mor
RNXC02	10	Rosado	9	5	5	0	Valencia	Valencia
RNXC02	10	Rosado	7	5	3	3	Valencia	Valencia
RNXC02	10	Rosado	5	5	3	4	Valencia	Valencia
RNXC02	10	Rosado	5	5	3	3	Valencia	Valencia
RNXC02	10	Rosado	5	5	3	2	Valencia	Valencia
RNXC02	9	Rojo	5	3	5	1	Valencia	Valencia
RNXC02	9	Rojo	5	3	3	3	Valencia	Valencia
RNXC02	9	Rojo	3	5	3	3	Valencia	Valencia
RNXC02	9	Rojo	3	3	3	2	Valencia	Valencia
RNXC02	9	Rojo	5	5	0	0	Valencia	Valencia
RNXC02	8	Rosado	5	3	7	3		Valencia
RNXC02	8	Rosado	5	5	5	2		Valencia
RNXC02	8	Rosado	7	5	3	4		Valencia
RNXC02	8	Rosado	5	5	3	3		Valencia

RNXC02	8	Rosado	5	3	3	2		Valencia
RNXC02	7	Rosado	5	3	7	2	Valencia	Valencia
RNXC02	7	Rosado	7	3	5	3	Valencia	Valencia
RNXC02	7	Rosado	3	3	5	3	Valencia	Valencia
RNXC02	7	Rosado	3	3	5	3	Valencia	Valencia
RNXC02	7	Rosado	3	3	5	2	Valencia	Valencia
RNXC02	6	Rosado	5	5	3	4		Valencia
RNXC02	6	Rosado	5	5	3	3		Valencia
RNXC02	6	Rosado	5	5	3	3		Valencia
RNXC02	6	Rosado	3	3	3	3		Valencia
RNXC02	6	Rosado	3	5	3	2		Valencia
RNXC02	5	Rosado	3	3	3	4	Valencia	Valencia
RNXC02	5	Rosado	3	3	3	3	Valencia	Valencia
RNXC02	5	Rosado	3	3	3	3	Valencia	Valencia
RNXC02	5	Rosado	3	3	3	2	Valencia	Valencia
RNXC02	5	Rosado	3	3	3	2	Valencia	Valencia
RNXC02	4	Rosado	7	7	3	2		Valencia
RNXC02	4	Rosado	3	3	3	3		Valencia
RNXC02	4	Rosado	3	5	3	1		Valencia
RNXC02	4	Rosado	3	7	0	2		Valencia
RNXC02	4	Rosado	3	3	0	1		Valencia
RNXC02	3	Rosado	3	3	9	0		Valencia
RNXC02	3	Rosado	7	5	7	3		Valencia
RNXC02	3	Rosado	7	3	5	3		Valencia

RNXC02	3	Rosado	7	7	5	2	Valencia
RNXC02	3	Rosado	5	3	5	3	Valencia
RNXC02	2	Rosado	7	5	9	1	Valencia
RNXC02	2	Rosado	3	5	9	2	Valencia
RNXC02	2	Rosado	7	5	5	3	Valencia
RNXC02	2	Rosado	7	5	3	4	Valencia
RNXC02	2	Rosado	5	5	3	3	Valencia
RNXC02	1	Rosado	7	5	3	3	Valencia
RNXC02	1	Rosado	7	3	3	3	Valencia
RNXC02	1	Rosado	3	3	3	3	Valencia
RNXC02	1	Rosado	3	3	3	2	Valencia
RNXC02	1	Rosado	7	5	0	3	Valencia
PAXC07	10	Moro	5	5	5	2	Español
PAXC07	10	Moro	5	5	5	2	Español
PAXC07	10	Moro	5	5	5	2	Español
PAXC07	10	Moro	5	5	5	1	Español
PAXC07	10	Moro	5	5	3	2	Español
PAXC07	9	Moro	5	5	7	2	Español
PAXC07	9	Moro	5	5	7	2	Español
PAXC07	9	Moro	5	5	5	2	Español
PAXC07	9	Moro	5	5	5	2	Español
PAXC07	9	Moro	5	5	5	2	Español
PAXC07	8	Rojo	5	5	3	5	Valencia
PAXC07	8	Rojo	5	5	3	3	Valencia

PAXC07	8	Rojo	5	5	3	3		Valencia
PAXC07	8	Rojo	5	5	3	3		Valencia
PAXC07	8	Rojo	5	5	0	2		Valencia
PAXC07	7	Moro	5	5	5	2	Español	Español
PAXC07	7	Moro	5	5	5	2	Español	Español
PAXC07	7	Moro	5	5	5	2	Español	Español
PAXC07	7	Moro	5	5	5	2	Español	Español
PAXC07	7	Moro	5	5	5	2	Español	Español
PAXC07	6	Rosado	5	5	5	2	Valencia	Valencia
PAXC07	6	Rosado	5	5	5	2	Valencia	Valencia
PAXC07	6	Rosado	5	5	3	3	Valencia	Valencia
PAXC07	6	Rosado	5	5	3	2	Valencia	Valencia
PAXC07	6	Rosado	5	5	3	2	Valencia	Valencia
PAXC07	5	Rojo	5	5	3	4		Valencia
PAXC07	5	Rojo	5	5	3	4		Valencia
PAXC07	5	Rojo	5	5	3	3		Valencia
PAXC07	5	Rojo	5	5	3	3		Valencia
PAXC07	5	Rojo	5	5	3	2		Valencia
PAXC07	4	Rojo	5	5	7	1		Valencia
PAXC07	4	Rojo	5	5	3	3		Valencia
PAXC07	4	Rojo	5	5	3	3		Valencia
PAXC07	4	Rojo	5	5	3	3		Valencia
PAXC07	4	Rojo	5	5	3	3		Valencia
PAXC07	3	Rosado	5	5	3	3	Valencia	Valencia

PAXC07	3	Rosado	5	5	3	3	Valencia	Valencia
PAXC07	3	Rosado	5	5	3	3	Valencia	Valencia
PAXC07	3	Rosado	5	5	3	3	Valencia	Valencia
PAXC07	3	Rosado	5	5	3	2	Valencia	Valencia
PAXC07	2	Rojo	5	5	3	4	Valencia	Valencia
PAXC07	2	Rojo	5	5	3	3	Valencia	Valencia
PAXC07	2	Rojo	5	5	3	3	Valencia	Valencia
PAXC07	2	Rojo	5	5	3	3	Valencia	Valencia
PAXC07	2	Rojo	5	5	3	1	Valencia	Valencia
PAXC07	1	Moro	5	5	7	2	Español	Español
PAXC07	1	Moro	5	5	7	2	Español	Español
PAXC07	1	Moro	5	5	5	2	Español	Español
PAXC07	1	Moro	5	5	5	2	Español	Español
PAXC07	1	Moro	5	5	5	2	Español	Español
PAXC06	10	Rojo	5	5	3	3		Valencia
PAXC06	10	Rojo	5	5	3	3		Valencia
PAXC06	10	Rojo	5	5	3	3		Valencia
PAXC06	10	Rojo	5	5	3	3		Valencia
PAXC06	10	Rojo	5	5	3	3		Valencia
PAXC06	9	Rojo	5	5	7	4	Valencia	Valencia
PAXC06	9	Rojo	7	5	5	4	Valencia	Valencia
PAXC06	9	Rojo	5	5	3	4	Valencia	Valencia
PAXC06	9	Rojo	5	5	3	3	Valencia	Valencia
PAXC06	9	Rojo	5	5	3	3	Valencia	Valencia

PAXC06	8	Rojo	5	5	7	3	Valencia	Valencia
PAXC06	8	Rojo	5	5	3	4	Valencia	Valencia
PAXC06	8	Rojo	5	5	3	4	Valencia	Valencia
PAXC06	8	Rojo	5	5	3	2	Valencia	Valencia
PAXC06	8	Rojo	5	5	3	2	Valencia	Valencia
PAXC06	7	Rojo	5	3	3	3		Valencia
PAXC06	7	Rojo	5	3	3	3		Valencia
PAXC06	7	Rojo	5	3	3	3		Valencia
PAXC06	7	Rojo	5	5	3	3		Valencia
PAXC06	7	Rojo	5	3	3	3		Valencia
PAXC06	6	Rojo	5	5	10	2		Valencia
PAXC06	6	Rojo	5	5	3	4		Valencia
PAXC06	6	Rojo	5	3	3	3		Valencia
PAXC06	6	Rojo	5	5	3	3		Valencia
PAXC06	6	Rojo	5	5	3	3		Valencia
PAXC06	5	Rojo	5	5	3	5		Valencia
PAXC06	5	Rojo	5	5	3	4		Valencia
PAXC06	5	Rojo	5	5	3	3		Valencia
PAXC06	5	Rojo	5	5	3	3		Valencia
PAXC06	5	Rojo	5	5	3	3		Valencia
PAXC06	4	Rojo	5	5	3	4	Valencia	Valencia
PAXC06	4	Rojo	5	3	3	4	Valencia	Valencia
PAXC06	4	Rojo	5	5	3	3	Valencia	Valencia
PAXC06	4	Rojo	5	3	3	3	Valencia	Valencia

PAXC06	4	Rojo	5	3	3	3	Valencia	Valencia
PAXC06	3	Rojo	5	3	3	4		Valencia
PAXC06	3	Rojo	5	5	3	4		Valencia
PAXC06	3	Rojo	5	3	3	3		Valencia
PAXC06	3	Rojo	5	5	3	3		Valencia
PAXC06	3	Rojo	5	3	3	2		Valencia
PAXC06	2	Rojo	5	5	7	3	Valencia	Valencia
PAXC06	2	Rojo	5	5	3	3	Valencia	Valencia
PAXC06	2	Rojo	5	5	3	3	Valencia	Valencia
PAXC06	2	Rojo	5	5	3	2	Valencia	Valencia
PAXC06	2	Rojo	5	5	3	2	Valencia	Valencia
PAXC06	1	Rojo	5	5	3	4	Valencia	Valencia
PAXC06	1	Rojo	5	5	3	4	Valencia	Valencia
PAXC06	1	Rojo	5	5	3	3	Valencia	Valencia
PAXC06	1	Rojo	5	5	3	3	Valencia	Valencia
PAXC06	1	Rojo	5	5	3	2	Valencia	Valencia
PAXC05	10	Rojo	5	5	3	4		Valencia
PAXC05	10	Rojo	5	5	3	4		Valencia
PAXC05	10	Rojo	5	5	3	3		Valencia
PAXC05	10	Rojo	5	5	3	2		Valencia
PAXC05	10	Rojo	5	5	3	2		Valencia
PAXC05	9	Rojo	5	5	3	4	Valencia	Valencia
PAXC05	9	Rojo	5	5	3	4	Valencia	Valencia
PAXC05	9	Rojo	5	5	3	4	Valencia	Valencia

PAXC05	9	Rojo	5	5	3	3	Valencia	Valencia
PAXC05	9	Rojo	5	3	3	2	Valencia	Valencia
PAXC05	8	Rojo	5	5	3	4		Valencia
PAXC05	8	Rojo	5	3	3	4		Valencia
PAXC05	8	Rojo	5	3	3	3		Valencia
PAXC05	8	Rojo	5	5	3	2		Valencia
PAXC05	8	Rojo	5	3	0	1		Valencia
PAXC05	7	Rojo	5	3	3	3		Valencia
PAXC05	7	Rojo	5	3	3	3		Valencia
PAXC05	7	Rojo	5	5	3	3		Valencia
PAXC05	7	Rojo	5	5	3	3		Valencia
PAXC05	7	Rojo	5	3	3	3		Valencia
PAXC05	6	Rojo	5	5	3	4		Valencia
PAXC05	6	Rojo	5	5	3	3		Valencia
PAXC05	6	Rojo	5	3	3	3		Valencia
PAXC05	6	Rojo	5	3	3	2		Valencia
PAXC05	6	Rojo	5	3	3	2		Valencia
PAXC05	5	Rojo	5	5	3	4		Valencia
PAXC05	5	Rojo	5	3	3	4		Valencia
PAXC05	5	Rojo	5	5	3	3		Valencia
PAXC05	5	Rojo	5	5	3	2		Valencia
PAXC05	5	Rojo	5	5	3	2		Valencia
PAXC05	4	Rojo	5	5	3	4		Valencia
PAXC05	4	Rojo	5	5	3	4		Valencia

PAXC05	4	Rojo	5	5	3	3	Valencia
PAXC05	4	Rojo	5	7	3	3	Valencia
PAXC05	4	Rojo	5	5	3	2	Valencia
PAXC05	3	Rojo	5	3	9	3	Valencia
PAXC05	3	Rojo	5	3	3	3	Valencia
PAXC05	3	Rojo	5	5	3	3	Valencia
PAXC05	3	Rojo	5	5	3	3	Valencia
PAXC05	3	Rojo	5	5	3	3	Valencia
PAXC05	2	Rojo	5	5	5	3	Valencia
PAXC05	2	Rojo	5	5	3	4	Valencia
PAXC05	2	Rojo	5	5	3	4	Valencia
PAXC05	2	Rojo	5	3	3	4	Valencia
PAXC05	2	Rojo	5	3	3	3	Valencia
PAXC05	1	Rojo	5	9	5	0	Valencia
PAXC05	1	Rojo	5	9	3	2	Valencia
PAXC05	1	Rojo	5	9	3	2	Valencia
PAXC05	1	Rojo	5	9	3	0	Valencia
PAXC05	1	Rojo	5	7	3	0	Valencia
PAXC04	10	Rojo	3	5	3	2	Valencia
PAXC04	10	Rojo	3	5	3	2	Valencia
PAXC04	10	Rojo	3	5	3	2	Valencia
PAXC04	10	Rojo	3	5	3	2	Valencia
PAXC04	10	Rojo	3	5	3	2	Valencia
PAXC04	9	Rojo	3	5	3	3	Valencia

PAXC04	9	Rojo	3	5	3	3		Valencia
PAXC04	9	Rojo	3	5	3	3		Valencia
PAXC04	9	Rojo	3	5	3	3		Valencia
PAXC04	9	Rojo	3	5	3	3		Valencia
PAXC04	8	Rojo	5	7	5	2	Valencia	Valencia
PAXC04	8	Rojo	5	5	3	2	Valencia	Valencia
PAXC04	8	Rojo	3	5	3	2	Valencia	Valencia
PAXC04	8	Rojo	3	5	3	2	Valencia	Valencia
PAXC04	8	Rojo	3	5	3	2	Valencia	Valencia
PAXC04	7	Rojo	7	5	7	1		Valencia
PAXC04	7	Rojo	3	5	7	2		Valencia
PAXC04	7	Rojo	7	7	5	3		Valencia
PAXC04	7	Rojo	3	7	3	4		Valencia
PAXC04	7	Rojo	0	3	0	1		Valencia
PAXC04	6	Rojo	3	5	5	3	Valencia	Valencia
PAXC04	6	Rojo	7	5	3	3	Valencia	Valencia
PAXC04	6	Rojo	7	7	3	2	Valencia	Valencia
PAXC04	6	Rojo	3	5	3	3	Valencia	Valencia
PAXC04	6	Rojo	5	5	0	3	Valencia	Valencia
PAXC04	5	Rojo	3	5	3	3	Valencia	Valencia
PAXC04	5	Rojo	3	5	3	2	Valencia	Valencia
PAXC04	5	Rojo	3	5	3	2	Valencia	Valencia
PAXC04	5	Rojo	3	5	3	2	Valencia	Valencia

PAXC04	4	Rojo	5	5	3	2	Valencia	Valencia
PAXC04	4	Rojo	5	5	3	2	Valencia	Valencia
PAXC04	4	Rojo	3	5	3	2	Valencia	Valencia
PAXC04	4	Rojo	3	5	3	2	Valencia	Valencia
PAXC04	4	Rojo	3	7	0	2	Valencia	Valencia
PAXC04	3	Rojo	3	5	3	4	Valencia	Valencia
PAXC04	3	Rojo	3	5	3	3	Valencia	Valencia
PAXC04	3	Rojo	3	5	3	3	Valencia	Valencia
PAXC04	3	Rojo	3	5	3	3	Valencia	Valencia
PAXC04	3	Rojo	3	5	3	2	Valencia	Valencia
PAXC04	2	Rojo	3	5	3	2		Valencia
PAXC04	2	Rojo	3	5	3	2		Valencia
PAXC04	2	Rojo	3	5	3	2		Valencia
PAXC04	2	Rojo	3	5	3	2		Valencia
PAXC04	2	Rojo	3	5	3	2		Valencia
PAXC04	1	Rojo	3	5	3	2		Valencia
PAXC04	1	Rojo	3	5	3	2		Valencia
PAXC04	1	Rojo	3	5	3	2		Valencia
PAXC04	1	Rojo	3	5	3	2		Valencia
PAXC04	1	Rojo	3	5	3	2		Valencia
PAXC03	10	Rojo	5	5	5	3		Valencia
PAXC03	10	Rojo	5	5	3	4		Valencia
PAXC03	10	Rojo	5	5	3	4		Valencia
PAXC03	10	Rojo	5	5	3	3		Valencia

PAXC03	10	Rojo	5	5	3	2		Valencia
PAXC03	9	Rojo	5	5	3	4		Valencia
PAXC03	9	Rojo	5	5	3	4		Valencia
PAXC03	9	Rojo	5	5	3	4		Valencia
PAXC03	9	Rojo	5	5	3	3		Valencia
PAXC03	9	Rojo	5	5	3	3		Valencia
PAXC03	8	Rojo	5	5	5	3		Valencia
PAXC03	8	Rojo	5	5	5	2		Valencia
PAXC03	8	Rojo	5	5	3	4		Valencia
PAXC03	8	Rojo	5	5	3	3		Valencia
PAXC03	8	Rojo	5	5	3	3		Valencia
PAXC03	7	Rojo	7	5	3	3	Valencia	Valencia
PAXC03	7	Rojo	5	5	3	3	Valencia	Valencia
PAXC03	7	Rojo	5	5	3	2	Valencia	Valencia
PAXC03	7	Rojo	5	7	3	0	Valencia	Valencia
PAXC03	7	Rojo	7	7	0	2	Valencia	Valencia
PAXC03	6	Rojo	5	5	3	4		Valencia
PAXC03	6	Rojo	5	5	3	2		Valencia
PAXC03	6	Rojo	5	5	3	1		Valencia
PAXC03	6	Rojo	5	5	3	1		Valencia
PAXC03	6	Rojo	5	5	3	1		Valencia
PAXC03	5	Rojo	5	7	5	1		
PAXC03	5	Rojo	5	7	3	2		
PAXC03	5	Rojo	5	7	3	2		

PAXC03	5	Rojo	5	7	3	2	
PAXC03	5	Rojo	5	7	3	1	
PAXC03	4	Rojo	5	5	3	4	Valencia
PAXC03	4	Rojo	5	5	3	3	Valencia
PAXC03	4	Rojo	5	5	3	2	Valencia
PAXC03	4	Rojo	5	5	3	2	Valencia
PAXC03	4	Rojo	5	5	3	2	Valencia
PAXC03	3	Rojo	5	5	5	2	Valencia
PAXC03	3	Rojo	5	5	5	2	Valencia
PAXC03	3	Rojo	5	5	3	3	Valencia
PAXC03	3	Rojo	5	5	3	3	Valencia
PAXC03	3	Rojo	5	5	3	3	Valencia
PAXC03	2	Rojo	5	5	5	1	Valencia
PAXC03	2	Rojo	5	5	3	5	Valencia
PAXC03	2	Rojo	5	5	3	4	Valencia
PAXC03	2	Rojo	5	5	3	3	Valencia
PAXC03	2	Rojo	5	5	3	3	Valencia
PAXC03	1	Rojo	5	7	7	2	Valencia
PAXC03	1	Rojo	5	5	3	3	Valencia
PAXC03	1	Rojo	5	5	3	3	Valencia
PAXC03	1	Rojo	5	5	3	2	Valencia
PAXC03	1	Rojo	5	5	3	1	Valencia
LAXC01	10	Rojo	5	5	9	3	Valencia
LAXC01	10	Rojo	5	5	5	2	Valencia

LAXC01	10	Rojo	5	5	3	2		Valencia
LAXC01	10	Rojo	0	3	3	2		Valencia
LAXC01	10	Rojo	5	3	0	1		Valencia
LAXC01	9	Rojo	5	5	7	2		
LAXC01	9	Rojo	5	3	3	2		
LAXC01	9	Rojo	5	3	3	2		
LAXC01	9	Rojo	5	5	3	0		
LAXC01	9	Rojo	5	3	0	1		
LAXC01	8	Rojo	7	5	7	4		Valencia
LAXC01	8	Rojo	5	5	7	3		Valencia
LAXC01	8	Rojo	5	3	3	3		Valencia
LAXC01	8	Rojo	5	3	3	3		Valencia
LAXC01	8	Rojo	5	3	0	1		Valencia
LAXC01	7	Rojo	5	3	7	3	Valencia	Valencia
LAXC01	7	Rojo	5	3	5	3	Valencia	Valencia
LAXC01	7	Rojo	0	3	5	3	Valencia	Valencia
LAXC01	7	Rojo	5	3	3	2	Valencia	Valencia
LAXC01	7	Rojo	5	3	3	1	Valencia	Valencia
LAXC01	6	Rojo	5	5	7	2	Valencia	Valencia
LAXC01	6	Rojo	5	3	3	3	Valencia	Valencia
LAXC01	6	Rojo	5	3	3	2	Valencia	Valencia
LAXC01	6	Rojo	5	5	0	0	Valencia	Valencia
LAXC01	6	Rojo	3	3	0	1	Valencia	Valencia
LAXC01	5	Rojo	5	3	3	3	Valencia	Valencia

LAXC01	5	Rojo	5	5	3	2	Valencia	Valencia
LAXC01	5	Rojo	5	3	3	2	Valencia	Valencia
LAXC01	5	Rojo	0	3	0	2	Valencia	Valencia
LAXC01	5	Rojo	0	3	0	1	Valencia	Valencia
LAXC01	4	Rojo	5	3	9	3		Valencia
LAXC01	4	Rojo	7	5	3	2		Valencia
LAXC01	4	Rojo	5	3	3	4		Valencia
LAXC01	4	Rojo	3	3	3	3		Valencia
LAXC01	4	Rojo	0	3	3	3		Valencia
LAXC01	3	Rojo	5	3	9	3	Valencia	Valencia
LAXC01	3	Rojo	5	5	5	4	Valencia	Valencia
LAXC01	3	Rojo	5	5	3	3	Valencia	Valencia
LAXC01	3	Rojo	5	3	3	3	Valencia	Valencia
LAXC01	3	Rojo	5	3	0	2	Valencia	Valencia
LAXC01	2	Rojo	5	5	7	3		Valencia
LAXC01	2	Rojo	5	5	7	2		Valencia
LAXC01	2	Rojo	5	3	3	3		Valencia
LAXC01	2	Rojo	5	3	3	3		Valencia
LAXC01	2	Rojo	5	3	3	2		Valencia
LAXC01	1	Rojo	5	3	7	3		Valencia
LAXC01	1	Rojo	5	3	3	3		Valencia
LAXC01	1	Rojo	5	5	3	3		Valencia
LAXC01	1	Rojo	5	5	3	3		Valencia
LAXC01	1	Rojo	5	3	3	2		Valencia

CLXC17	10	Rojo	5	7	5	3		Valencia
CLXC17	10	Rojo	3	7	3	3		Valencia
CLXC17	10	Rojo	3	7	3	3		Valencia
CLXC17	10	Rojo	0	3	3	1		Valencia
CLXC17	10	Rojo	3	3	0	0		Valencia
CLXC17	9	Rojo	9	9	7	3		Valencia
CLXC17	9	Rojo	7	7	5	4		Valencia
CLXC17	9	Rojo	7	7	3	3		Valencia
CLXC17	9	Rojo	7	7	3	3		Valencia
CLXC17	9	Rojo	0	7	3	3		Valencia
CLXC17	8	Rojo	5	7	5	0		Valencia
CLXC17	8	Rojo	3	5	5	3		Valencia
CLXC17	8	Rojo	3	3	3	3		Valencia
CLXC17	8	Rojo	3	5	3	3		Valencia
CLXC17	8	Rojo	3	7	3	3		Valencia
CLXC17	7	Rojo	3	5	9	3	Valencia	Valencia
CLXC17	7	Rojo	5	7	5	1	Valencia	Valencia
CLXC17	7	Rojo	3	7	5	4	Valencia	Valencia
CLXC17	7	Rojo	5	5	3	3	Valencia	Valencia
CLXC17	7	Rojo	5	5	0	2	Valencia	Valencia
CLXC17	6	Rojo	5	5	7	3		Valencia
CLXC17	6	Rojo	0	3	7	3		Valencia
CLXC17	6	Rojo	5	3	5	3		Valencia
CLXC17	6	Rojo	5	7	5	3		Valencia

CLXC17	6	Rojo	3	5	3	3	Valencia
CLXC17	5	Rojo	3	7	5	1	Valencia
CLXC17	5	Rojo	3	7	5	1	Valencia
CLXC17	5	Rojo	3	5	5	1	Valencia
CLXC17	5	Rojo	5	7	3	4	Valencia
CLXC17	5	Rojo	3	3	0	2	Valencia
CLXC17	4	Rojo	5	5	7	2	Valencia
CLXC17	4	Rojo	7	7	3	2	Valencia
CLXC17	4	Rojo	5	5	3	3	Valencia
CLXC17	4	Rojo	5	5	3	3	Valencia
CLXC17	4	Rojo	0	5	3	3	Valencia
CLXC17	3	Rojo	5	7	3	1	Valencia
CLXC17	3	Rojo	3	7	3	2	Valencia
CLXC17	3	Rojo	3	5	3	0	Valencia
CLXC17	3	Rojo	3	7	3	0	Valencia
CLXC17	3	Rojo	7	5	0	1	Valencia
CLXC17	2	Rojo	3	5	3	3	Valencia
CLXC17	2	Rojo	3	5	3	3	Valencia
CLXC17	2	Rojo	3	7	3	3	Valencia
CLXC17	2	Rojo	3	5	3	3	Valencia
CLXC17	2	Rojo	3	5	3	3	Valencia
CLXC17	1	Rojo	3	7	3	3	Valencia
CLXC17	1	Rojo	3	7	3	3	Valencia
CLXC17	1	Rojo	3	7	3	3	Valencia

CLXC17	1	Rojo	3	7	3	3	Valencia
CLXC17	1	Rojo	3	7	3	3	Valencia
CLXC16	10	Rosado	3	5	3	3	Valencia
CLXC16	10	Rosado	3	5	3	3	Valencia
CLXC16	10	Rosado	3	5	3	3	Valencia
CLXC16	10	Rosado	3	5	3	3	Valencia
CLXC16	10	Rosado	3	5	3	3	Valencia
CLXC16	9	Rojo	5	3	3	2	Valencia
CLXC16	9	Rojo	5	5	3	2	Valencia
CLXC16	9	Rojo	3	3	3	4	Valencia
CLXC16	9	Rojo	3	3	0	2	Valencia
CLXC16	9	Rojo	3	3	0	1	Valencia
CLXC16	8	Rojo	3	3	0	3	Valencia
CLXC16	8	Rojo	3	3	0	3	Valencia
CLXC16	8	Rojo	3	3	0	3	Valencia
CLXC16	8	Rojo	3	3	0	2	Valencia
CLXC16	8	Rojo	0	3	0	3	Valencia
CLXC16	7	Rojo	3	3	7	2	Valencia
CLXC16	7	Rojo	5	5	3	3	Valencia
CLXC16	7	Rojo	3	3	0	3	Valencia
CLXC16	7	Rojo	3	5	0	3	Valencia
CLXC16	7	Rojo	0	5	0	3	Valencia
CLXC16	6	Rojo	5	7	7	2	Valencia
CLXC16	6	Rojo	5	5	3	3	Valencia

CLXC16	6	Rojo	3	3	3	3	Valencia
CLXC16	6	Rojo	3	5	3	2	Valencia
CLXC16	6	Rojo	3	3	0	3	Valencia
CLXC16	5	Rojo	3	5	9	0	Valencia
CLXC16	5	Rojo	5	7	5	3	Valencia
CLXC16	5	Rojo	3	5	5	3	Valencia
CLXC16	5	Rojo	3	3	5	3	Valencia
CLXC16	5	Rojo	3	3	0	1	Valencia
CLXC16	4	Rojo	5	7	3	4	Valencia
CLXC16	4	Rojo	3	5	0	2	Valencia
CLXC16	4	Rojo	3	5	0	2	Valencia
CLXC16	4	Rojo	0	3	0	1	Valencia
CLXC16	4	Rojo	0	5	0	0	Valencia
CLXC16	3	Rojo	5	5	7	3	Valencia
CLXC16	3	Rojo	5	7	7	3	Valencia
CLXC16	3	Rojo	5	5	5	3	Valencia
CLXC16	3	Rojo	3	5	3	2	Valencia
CLXC16	3	Rojo	3	5	0	1	Valencia
CLXC16	2	Rojo	3	7	3	4	Valencia
CLXC16	2	Rojo	3	5	3	3	Valencia
CLXC16	2	Rojo	3	5	3	2	Valencia
CLXC16	2	Rojo	3	5	3	1	Valencia
CLXC16	2	Rojo	0	3	3	2	Valencia
CLXC16	1	Rojo	7	5	5	4	Valencia

CLXC16	1	Rojo	7	7	3	3		Valencia
CLXC16	1	Rojo	5	5	3	3		Valencia
CLXC16	1	Rojo	5	5	3	2		Valencia
CLXC16	1	Rojo	3	7	3	3		Valencia
CLXC14	10	Rojo	0	5	5	2	Valencia	Valencia
CLXC14	10	Rojo	5	5	3	4	Valencia	Valencia
CLXC14	10	Rojo	5	7	3	3	Valencia	Valencia
CLXC14	10	Rojo	3	5	3	3	Valencia	Valencia
CLXC14	10	Rojo	3	5	3	3	Valencia	Valencia
CLXC14	9	Rojo	3	5	5	1		Valencia
CLXC14	9	Rojo	3	3	5	1		Valencia
CLXC14	9	Rojo	7	3	0	1		Valencia
CLXC14	9	Rojo	5	5	0	1		Valencia
CLXC14	9	Rojo	3	3	0	3		Valencia
CLXC14	8	Rojo	3	7	3	1		Valencia
CLXC14	8	Rojo	3	7	0	1		Valencia
CLXC14	8	Rojo	3	7	0	1		Valencia
CLXC14	8	Rojo	3	7	0	1		Valencia
CLXC14	8	Rojo	3	7	0	1		Valencia
CLXC14	7	Rojo	5	5	3	3		Valencia
CLXC14	7	Rojo	5	5	3	2		Valencia
CLXC14	7	Rojo	3	5	3	2		Valencia
CLXC14	7	Rojo	5	3	0	1		Valencia
CLXC14	7	Rojo	3	5	0	2		Valencia

CLXC14	6	Rojo	3	5	3	2		Valencia
CLXC14	6	Rojo	3	5	3	2		Valencia
CLXC14	6	Rojo	5	3	0	2		Valencia
CLXC14	6	Rojo	5	3	0	1		Valencia
CLXC14	6	Rojo	3	3	0	4		Valencia
CLXC14	5	Rojo	3	3	5	3	Valencia	Valencia
CLXC14	5	Rojo	3	3	5	2	Valencia	Valencia
CLXC14	5	Rojo	3	3	0	3	Valencia	Valencia
CLXC14	5	Rojo	3	3	0	2	Valencia	Valencia
CLXC14	5	Rojo	3	3	0	1	Valencia	Valencia
CLXC14	4	Rojo	9	5	3	2	Valencia	Valencia
CLXC14	4	Rojo	7	5	0	3	Valencia	Valencia
CLXC14	4	Rojo	5	5	0	2	Valencia	Valencia
CLXC14	4	Rojo	3	5	0	2	Valencia	Valencia
CLXC14	4	Rojo	3	5	0	2	Valencia	Valencia
CLXC14	3	Rojo	3	5	3	3	Valencia	Valencia
CLXC14	3	Rojo	3	5	3	3	Valencia	Valencia
CLXC14	3	Rojo	3	5	3	2	Valencia	Valencia
CLXC14	3	Rojo	3	5	2	3	Valencia	Valencia
CLXC14	3	Rojo	3	3	0	1	Valencia	Valencia
CLXC14	2	Rojo	7	5	5	2		Valencia
CLXC14	2	Rojo	3	3	3	3		Valencia
CLXC14	2	Rojo	3	5	3	2		Valencia
CLXC14	2	Rojo	0	5	3	4		Valencia

CLXC14	2	Rojo	3	5	0	1		Valencia
CLXC14	1	Rojo	3	5	3	3	Valencia	Valencia
CLXC14	1	Rojo	3	3	3	3	Valencia	Valencia
CLXC14	1	Rojo	3	3	3	3	Valencia	Valencia
CLXC14	1	Rojo	5	7	0	2	Valencia	Valencia
CLXC14	1	Rojo	3	7	0	1	Valencia	Valencia
CLXC13	10	Rojo	5	5	9	3		Valencia
CLXC13	10	Rojo	5	5	3	4		Valencia
CLXC13	10	Rojo	5	5	3	3		Valencia
CLXC13	10	Rojo	5	5	3	3		Valencia
CLXC13	10	Rojo	5	5	3	2		Valencia
CLXC13	9	Rojo	5	3	7	2		Valencia
CLXC13	9	Rojo	5	5	3	3		Valencia
CLXC13	9	Rojo	5	3	3	3		Valencia
CLXC13	9	Rojo	5	5	3	2		Valencia
CLXC13	9	Rojo	5	5	3	1		Valencia
CLXC13	8	Rojo	5	7	5	3		Valencia
CLXC13	8	Rojo	7	3	3	2		Valencia
CLXC13	8	Rojo	5	7	3	4		Valencia
CLXC13	8	Rojo	5	3	3	3		Valencia
CLXC13	8	Rojo	5	5	3	2		Valencia
CLXC13	7	Rojo	5	5	7	3		Valencia
CLXC13	7	Rojo	5	5	3	3		Valencia
CLXC13	7	Rojo	5	5	3	3		Valencia

CLXC13	7	Rojo	5	5	3	3		Valencia
CLXC13	7	Rojo	5	7	3	1		Valencia
CLXC13	6	Rojo	5	5	3	3		Valencia
CLXC13	6	Rojo	5	5	3	3		Valencia
CLXC13	6	Rojo	5	5	3	2		Valencia
CLXC13	6	Rojo	5	5	3	2		Valencia
CLXC13	6	Rojo	5	5	0	1		Valencia
CLXC13	5	Rojo	5	5	3	4	Valencia	Valencia
CLXC13	5	Rojo	5	3	3	4	Valencia	Valencia
CLXC13	5	Rojo	5	3	3	3	Valencia	Valencia
CLXC13	5	Rojo	5	3	3	3	Valencia	Valencia
CLXC13	5	Rojo	5	5	3	2	Valencia	Valencia
CLXC13	4	Rojo	5	5	7	3		Valencia
CLXC13	4	Rojo	5	5	3	3		Valencia
CLXC13	4	Rojo	5	7	3	3		Valencia
CLXC13	4	Rojo	5	7	3	3		Valencia
CLXC13	4	Rojo	5	5	3	3		Valencia
CLXC13	3	Rojo	5	5	3	3		Valencia
CLXC13	3	Rojo	5	5	3	3		Valencia
CLXC13	3	Rojo	5	5	3	3		Valencia
CLXC13	3	Rojo	5	5	3	3		Valencia
CLXC13	3	Rojo	5	5	3	3		Valencia
CLXC13	3	Rojo	5	5	3	3		Valencia
CLXC13	3	Rojo	5	5	3	3		Valencia
CLXC13	2	Rojo	5	5	5	3		Valencia
CLXC13	2	Rojo	5	5	3	3		Valencia

CLXC13	2	Rojo	5	5	3	3		Valencia
CLXC13	2	Rojo	5	5	3	3		Valencia
CLXC13	2	Rojo	5	5	3	3		Valencia
CLXC13	1	Rojo	5	5	3	4		Valencia
CLXC13	1	Rojo	5	5	3	4		Valencia
CLXC13	1	Rojo	5	5	3	4		Valencia
CLXC13	1	Rojo	5	5	3	3		Valencia
CLXC13	1	Rojo	5	5	3	3		Valencia
CLXC12	10	Rojo	7	7	3	4	Valencia	Valencia
CLXC12	10	Rojo	7	3	3	2	Valencia	Valencia
CLXC12	10	Rojo	3	5	3	3	Valencia	Valencia
CLXC12	10	Rojo	3	5	3	3	Valencia	Valencia
CLXC12	10	Rojo	0	5	3	3	Valencia	Valencia
CLXC12	9	Rojo	5	5	9	3	Valencia	Valencia
CLXC12	9	Rojo	5	5	5	3	Valencia	Valencia
CLXC12	9	Rojo	5	5	3	3	Valencia	Valencia
CLXC12	9	Rojo	3	5	3	3	Valencia	Valencia
CLXC12	9	Rojo	3	3	0	2	Valencia	Valencia
CLXC12	8	Rojo	5	7	3	4		Valencia
CLXC12	8	Rojo	5	7	3	2		Valencia
CLXC12	8	Rojo	5	7	3	2		Valencia
CLXC12	8	Rojo	3	7	0	1		Valencia
CLXC12	7	Rojo	0	5	9	2		Valencia

CLXC12	7	Rojo	5	7	3	3		Valencia
CLXC12	7	Rojo	3	5	3	3		Valencia
CLXC12	7	Rojo	3	7	3	2		Valencia
CLXC12	7	Rojo	3	3	0	4		Valencia
CLXC12	6	Rojo	3	7	3	3		Valencia
CLXC12	6	Rojo	3	7	3	2		Valencia
CLXC12	6	Rojo	3	7	3	1		Valencia
CLXC12	6	Rojo	0	5	3	3		Valencia
CLXC12	6	Rojo	3	3	0	2		Valencia
CLXC12	5	Rojo	3	7	3	4	Valencia	Valencia
CLXC12	5	Rojo	3	7	3	4	Valencia	Valencia
CLXC12	5	Rojo	3	7	3	4	Valencia	Valencia
CLXC12	5	Rojo	3	7	3	3	Valencia	Valencia
CLXC12	5	Rojo	3	7	3	3	Valencia	Valencia
CLXC12	4	Rojo	3	7	5	4		Valencia
CLXC12	4	Rojo	3	7	5	3		Valencia
CLXC12	4	Rojo	3	5	3	3		Valencia
CLXC12	4	Rojo	3	5	3	0		Valencia
CLXC12	4	Rojo	3	3	0	1		Valencia
CLXC12	3	Rojo	7	7	3	3	Valencia	Valencia
CLXC12	3	Rojo	5	7	3	3	Valencia	Valencia
CLXC12	3	Rojo	5	7	3	3	Valencia	Valencia
CLXC12	3	Rojo	5	7	3	3	Valencia	Valencia
CLXC12	3	Rojo	3	5	3	3	Valencia	Valencia

CLXC12	2	Rojo	3	3	3	4		Valencia
CLXC12	2	Rojo	3	5	3	4		Valencia
CLXC12	2	Rojo	3	3	3	3		Valencia
CLXC12	2	Rojo	3	5	3	3		Valencia
CLXC12	2	Rojo	3	3	0	3		Valencia
CLXC12	1	Rojo	5	7	5	4		Valencia
CLXC12	1	Rojo	5	7	5	3		Valencia
CLXC12	1	Rojo	5	5	3	4		Valencia
CLXC12	1	Rojo	5	7	3	2		Valencia
CLXC12	1	Rojo	3	5	3	4		Valencia
CLXC11	10	Rojo	3	5	7	1	Valencia	Valencia
CLXC11	10	Rojo	3	5	3	4	Valencia	Valencia
CLXC11	10	Rojo	3	5	3	2	Valencia	Valencia
CLXC11	10	Rojo	3	5	3	2	Valencia	Valencia
CLXC11	10	Rojo	3	5	3	2	Valencia	Valencia
CLXC11	9	Rojo	5	7	7	3		Valencia
CLXC11	9	Rojo	5	7	3	3		Valencia
CLXC11	9	Rojo	3	7	3	3		Valencia
CLXC11	9	Rojo	3	7	3	0		Valencia
CLXC11	9	Rojo	7	7	0	0		Valencia
CLXC11	8	Rojo	3	5	9	2		Valencia
CLXC11	8	Rojo	3	5	7	3		Valencia
CLXC11	8	Rojo	3	5	5	2		Valencia
CLXC11	8	Rojo	5	7	3	2		Valencia

CLXC11	8	Rojo	3	5	3	0	Valencia
CLXC11	7	Rojo	5	3	7	2	Valencia
CLXC11	7	Rojo	5	5	3	3	Valencia
CLXC11	7	Rojo	5	3	3	2	Valencia
CLXC11	7	Rojo	5	5	3	0	Valencia
CLXC11	7	Rojo	5	5	0	2	Valencia
CLXC11	6	Rojo	5	3	5	3	Valencia
CLXC11	6	Rojo	3	7	5	3	Valencia
CLXC11	6	Rojo	3	3	5	3	Valencia
CLXC11	6	Rojo	3	7	3	2	Valencia
CLXC11	6	Rojo	5	3	0	2	Valencia
CLXC11	5	Rojo	7	5	3	2	Valencia
CLXC11	5	Rojo	5	5	3	3	Valencia
CLXC11	5	Rojo	5	7	3	2	Valencia
CLXC11	5	Rojo	5	5	3	0	Valencia
CLXC11	5	Rojo	3	5	3	3	Valencia
CLXC11	4	Rojo	3	3	7	2	Valencia
CLXC11	4	Rojo	5	7	5	3	Valencia
CLXC11	4	Rojo	7	7	3	3	Valencia
CLXC11	4	Rojo	7	5	0	0	Valencia
CLXC11	4	Rojo	3	3	0	1	Valencia
CLXC11	3	Rojo	7	7	3	3	Valencia
CLXC11	3	Rojo	7	7	3	3	Valencia
CLXC11	3	Rojo	7	7	3	3	Valencia

CLXC11	3	Rojo	5	7	3	4	Valencia
CLXC11	3	Rojo	5	5	3	0	Valencia
CLXC11	2	Rojo	5	7	3	2	Valencia
CLXC11	2	Rojo	5	7	3	1	Valencia
CLXC11	2	Rojo	0	7	3	2	Valencia
CLXC11	2	Rojo	9	7	0	2	Valencia
CLXC11	2	Rojo	5	7	0	1	Valencia
CLXC11	1	Rojo	5	5	3	3	Valencia
CLXC11	1	Rojo	5	5	3	3	Valencia
CLXC11	1	Rojo	5	5	3	2	Valencia
CLXC11	1	Rojo	5	5	3	2	Valencia
CLXC11	1	Rojo	7	3	0	1	Valencia
ARXC09	10	Rojo	5	7	3	3	Valencia
ARXC09	10	Rojo	5	5	3	3	Valencia
ARXC09	10	Rojo	5	5	3	2	Valencia
ARXC09	10	Rojo	5	7	3	2	Valencia
ARXC09	10	Rojo	5	7	3	2	Valencia
ARXC09	9	Rojo	5	5	3	3	Valencia
ARXC09	9	Rojo	5	5	3	3	Valencia
ARXC09	9	Rojo	5	5	3	3	Valencia
ARXC09	9	Rojo	5	5	3	2	Valencia
ARXC09	9	Rojo	5	5	3	1	Valencia
ARXC09	8	Rojo	5	7	3	4	Valencia
ARXC09	8	Rojo	5	7	3	3	Valencia

ARXC09	8	Rojo	5	7	3	3		Valencia
ARXC09	8	Rojo	5	7	3	2		Valencia
ARXC09	8	Rojo	3	5	3	3		Valencia
ARXC09	7	Rojo	5	5	3	3		Valencia
ARXC09	7	Rojo	5	5	3	3		Valencia
ARXC09	7	Rojo	5	5	3	3		Valencia
ARXC09	7	Rojo	5	5	3	2		Valencia
ARXC09	7	Rojo	5	5	3	2		Valencia
ARXC09	6	Rojo	5	5	5	3		Valencia
ARXC09	6	Rojo	5	7	5	3		Valencia
ARXC09	6	Rojo	5	5	3	3		Valencia
ARXC09	6	Rojo	5	7	3	2		Valencia
ARXC09	6	Rojo	5	5	0	1		Valencia
ARXC09	5	Rosado	5	7	5	1		Valencia
ARXC09	5	Rosado	5	7	5	1		Valencia
ARXC09	5	Rosado	5	7	3	3		Valencia
ARXC09	5	Rosado	5	7	3	3		Valencia
ARXC09	5	Rosado	5	7	3	2		Valencia
ARXC09	4	Rojo	5	5	7	2	Valencia	Valencia
ARXC09	4	Rojo	5	5	5	3	Valencia	Valencia
ARXC09	4	Rojo	5	5	5	3	Valencia	Valencia
ARXC09	4	Rojo	5	5	5	3	Valencia	Valencia
ARXC09	4	Rojo	5	5	3	3	Valencia	Valencia
ARXC09	3	Rosado	5	5	5	3		Valencia

ARXC09	3	Rosado	5	5	3	3		Valencia
ARXC09	3	Rosado	5	5	3	3		Valencia
ARXC09	3	Rosado	5	5	3	3		Valencia
ARXC09	3	Rosado	5	5	3	2		Valencia
ARXC09	2	Rojo	5	5	7	2	Español	Valencia
ARXC09	2	Rojo	5	7	5	4	Español	Valencia
ARXC09	2	Rojo	5	7	5	2	Español	Valencia
ARXC09	2	Rojo	5	5	5	2	Español	Valencia
ARXC09	2	Rojo	5	5	5	2	Español	Valencia
ARXC09	1	Moro	5	5	3	3		Valencia
ARXC09	1	Moro	5	5	3	3		Valencia
ARXC09	1	Moro	5	5	3	3		Valencia
ARXC09	1	Moro	5	5	3	3		Valencia
ARXC09	1	Moro	5	5	3	3		Valencia
ARXC08D	10	Rojo	7	5	3	3		Valencia
ARXC08D	10	Rojo	5	5	3	4		Valencia
ARXC08D	10	Rojo	5	5	3	3		Valencia
ARXC08D	10	Rojo	5	7	3	3		Valencia
ARXC08D	10	Rojo	5	5	3	2		Valencia
ARXC08D	9	Rojo	5	7	5	3		Valencia
ARXC08D	9	Rojo	5	7	3	4		Valencia
ARXC08D	9	Rojo	5	5	3	3		Valencia
ARXC08D	9	Rojo	5	5	3	3		Valencia
ARXC08D	9	Rojo	5	5	3	2		Valencia

ARXC08D 8	Rosado	5	7	3	4	Valencia
ARXC08D 8	Rosado	5	5	3	3	Valencia
ARXC08D 8	Rosado	5	5	3	3	Valencia
ARXC08D 8	Rosado	5	7	3	2	Valencia
ARXC08D 8	Rosado	5	5	3	2	Valencia
ARXC08D 7	Rosado	5	5	5	2	Valencia
ARXC08D 7	Rosado	5	3	3	4	Valencia
ARXC08D 7	Rosado	5	5	3	4	Valencia
ARXC08D 7	Rosado	5	5	3	3	Valencia
ARXC08D 7	Rosado	5	5	3	2	Valencia
ARXC08D 6	Rojo	5	5	5	3	Valencia
ARXC08D 6	Rojo	5	5	3	4	Valencia
ARXC08D 6	Rojo	5	5	3	3	Valencia
ARXC08D 6	Rojo	5	5	3	3	Valencia
ARXC08D 6	Rojo	5	5	3	2	Valencia
ARXC08D 5	Rojo	5	5	7	3	Valencia
ARXC08D 5	Rojo	7	5	5	4	Valencia
ARXC08D 5	Rojo	5	5	3	4	Valencia
ARXC08D 5	Rojo	5	5	3	3	Valencia
ARXC08D 5	Rojo	5	5	3	3	Valencia
ARXC08D 4	Rojo	5	5	5	2	Valencia
ARXC08D 4	Rojo	5	3	3	3	Valencia
ARXC08D 4	Rojo	5	5	3	2	Valencia
ARXC08D 4	Rojo	5	5	3	2	Valencia

ARXC08D 4	Rojo	5	3	0	1		Valencia
ARXC08D 3	Rojo	5	5	3	4	Valencia	Valencia
ARXC08D 3	Rojo	5	5	3	4	Valencia	Valencia
ARXC08D 3	Rojo	5	5	3	3	Valencia	Valencia
ARXC08D 3	Rojo	5	5	3	2	Valencia	Valencia
ARXC08D 3	Rojo	5	5	0	1	Valencia	Valencia
ARXC08D 2	Rosado	5	5	5	2		Valencia
ARXC08D 2	Rosado	5	5	3	4		Valencia
ARXC08D 2	Rosado	5	5	3	3		Valencia
ARXC08D 2	Rosado	5	5	3	3		Valencia
ARXC08D 2	Rosado	5	5	3	2		Valencia
ARXC08D 1	Rojo	5	5	3	4		Valencia
ARXC08D 1	Rojo	5	5	3	3		Valencia
ARXC08D 1	Rojo	5	5	3	3		Valencia
ARXC08D 1	Rojo	5	5	3	3		Valencia
ARXC08D 1	Rojo	5	5	3	2		Valencia
ARXC08C 10	Rojo	5	0	3	3		Valencia
ARXC08C 10	Rojo	5	3	3	3		Valencia
ARXC08C 10	Rojo	5	3	3	3		Valencia
ARXC08C 10	Rojo	5	0	3	3		Valencia
ARXC08C 10	Rojo	5	3	3	3		Valencia
ARXC08C 9	Rojo	5	3	9	2		Valencia
ARXC08C 9	Rojo	7	9	7	3		Valencia
ARXC08C 9	Rojo	5	3	1	2		Valencia

ARXC08C 9	Rojo	5	3	0	2		Valencia
ARXC08C 9	Rojo	5	0	0	1		Valencia
ARXC08C 8	Rojo	5	5	7	3		Valencia
ARXC08C 8	Rojo	0	7	5	4		Valencia
ARXC08C 8	Rojo	7	3	3	0		Valencia
ARXC08C 8	Rojo	7	7	3	0		Valencia
ARXC08C 8	Rojo	0	5	0	2		Valencia
ARXC08C 7	Rojo	7	5	7	3	Valencia	Valencia
ARXC08C 7	Rojo	7	5	5	2	Valencia	Valencia
ARXC08C 7	Rojo	7	5	3	3	Valencia	Valencia
ARXC08C 7	Rojo	5	5	3	2	Valencia	Valencia
ARXC08C 7	Rojo	5	5	0	3	Valencia	Valencia
ARXC08C 6	Rojo	5	3	3	2		Valencia
ARXC08C 6	Rojo	5	5	3	2		Valencia
ARXC08C 6	Rojo	3	5	3	3		Valencia
ARXC08C 6	Rojo	5	3	0	2		Valencia
ARXC08C 6	Rojo	5	3	0	2		Valencia
ARXC08C 5	Rojo	7	5	5	2		Valencia
ARXC08C 5	Rojo	3	3	5	2		Valencia
ARXC08C 5	Rojo	5	7	3	1		Valencia
ARXC08C 5	Rojo	7	5	0	2		Valencia
ARXC08C 5	Rojo	3	3	0	1		Valencia
ARXC08C 4	Rojo	5	3	3	4		Valencia
ARXC08C 4	Rojo	5	5	3	2		Valencia

ARXC08C	4	Rojo	5	5	3	2	Valencia
ARXC08C	4	Rojo	5	5	3	2	Valencia
ARXC08C	4	Rojo	5	5	3	2	Valencia
ARXC08C	3	Rojo	5	3	5	5	Valencia
ARXC08C	3	Rojo	5	3	5	2	Valencia
ARXC08C	3	Rojo	5	5	3	3	Valencia
ARXC08C	3	Rojo	5	0	3	2	Valencia
ARXC08C	3	Rojo	5	3	0	1	Valencia
ARXC08C	2	Rojo	5	3	7	3	Valencia
ARXC08C	2	Rojo	5	3	7	2	Valencia
ARXC08C	2	Rojo	5	3	7	2	Valencia
ARXC08C	2	Rojo	5	5	7	2	Valencia
ARXC08C	2	Rojo	5	3	7	1	Valencia
ARXC08C	1	Rojo	5	7	5	3	Valencia
ARXC08C	1	Rojo	5	3	3	4	Valencia
ARXC08C	1	Rojo	5	3	3	3	Valencia
ARXC08C	1	Rojo	5	5	3	2	Valencia
ARXC08C	1	Rojo	5	7	3	0	Valencia
ARXC08B	10	Moro	5	5	7	2	Español
ARXC08B	10	Moro	5	5	5	2	Español
ARXC08B	10	Moro	5	5	5	2	Español
ARXC08B	10	Moro	5	7	5	2	Español
ARXC08B	10	Moro	5	7	5	1	Español
ARXC08B	9	Rojo	5	5	5	2	Valencia

ARXC08B	9	Rojo	5	3	3	4		Valencia
ARXC08B	9	Rojo	5	3	3	3		Valencia
ARXC08B	9	Rojo	5	3	3	2		Valencia
ARXC08B	9	Rojo	5	3	3	2		Valencia
ARXC08B	8	Moro	5	5	9	2		Español
ARXC08B	8	Moro	5	5	7	2		Español
ARXC08B	8	Moro	5	5	7	1		Español
ARXC08B	8	Moro	5	5	7	0		Español
ARXC08B	8	Moro	5	5	5	2		Español
ARXC08B	7	Moro	5	5	7	2	Español	Español
ARXC08B	7	Moro	5	5	7	2	Español	Español
ARXC08B	7	Moro	5	5	5	2	Español	Español
ARXC08B	7	Moro	5	5	5	2	Español	Español
ARXC08B	7	Moro	5	5	0	1	Español	Español
ARXC08B	6	Moro	5	5	7	2	Español	Español
ARXC08B	6	Moro	5	5	7	1	Español	Español
ARXC08B	6	Moro	5	5	5	2	Español	Español
ARXC08B	6	Moro	5	7	5	2	Español	Español
ARXC08B	6	Moro	5	5	5	1	Español	Español
ARXC08B	5	Moro	7	7	9	1	Español	Español
ARXC08B	5	Moro	5	5	7	2	Español	Español
ARXC08B	5	Moro	5	7	7	2	Español	Español
ARXC08B	5	Moro	5	5	5	2	Español	Español
ARXC08B	5	Moro	3	5	5	2	Español	Español

ARXC08B	4	Rojo	5	5	3	4		Valencia
ARXC08B	4	Rojo	5	5	3	4		Valencia
ARXC08B	4	Rojo	5	5	3	4		Valencia
ARXC08B	4	Rojo	5	5	3	3		Valencia
ARXC08B	4	Rojo	5	5	3	2		Valencia
ARXC08B	3	Rojo	5	5	5	2	Valencia	Valencia
ARXC08B	3	Rojo	5	5	5	1	Valencia	Valencia
ARXC08B	3	Rojo	5	5	3	4	Valencia	Valencia
ARXC08B	3	Rojo	5	5	3	3	Valencia	Valencia
ARXC08B	3	Rojo	5	3	0	1	Valencia	Valencia
ARXC08B	2	Rosado	5	5	7	2	Valencia	Valencia
ARXC08B	2	Rosado	5	5	5	3	Valencia	Valencia
ARXC08B	2	Rosado	5	5	5	3	Valencia	Valencia
ARXC08B	2	Rosado	5	5	5	3	Valencia	Valencia
ARXC08B	2	Rosado	5	5	5	2	Valencia	Valencia
ARXC08B	1	Moro	7	7	7	1		Español
ARXC08B	1	Moro	5	7	7	2		Español
ARXC08B	1	Moro	5	7	5	2		Español
ARXC08B	1	Moro	5	7	5	2		Español
ARXC08B	1	Moro	5	5	0	1		Español
ARXC08A	10	Rojo	5	7	7	2	Valencia	Valencia
ARXC08A	10	Rojo	7	7	5	3	Valencia	Valencia
ARXC08A	10	Rojo	7	7	5	1	Valencia	Valencia
ARXC08A	10	Rojo	0	3	3	3	Valencia	Valencia

ARXC08A 10	Rojo	3	3	0	2	Valencia	Valencia
ARXC08A 9	Rojo	7	5	5	2		Valencia
ARXC08A 9	Rojo	3	3	5	3		Valencia
ARXC08A 9	Rojo	3	5	5	3		Valencia
ARXC08A 9	Rojo	3	5	5	3		Valencia
ARXC08A 9	Rojo	3	5	3	3		Valencia
ARXC08A 8	Rojo	5	7	5	3	Valencia	Valencia
ARXC08A 8	Rojo	3	5	3	2		Valencia
ARXC08A 8	Rojo	5	3	0	2	Valencia	Valencia
ARXC08A 8	Rojo	5	3	0	1	Valencia	Valencia
ARXC08A 8	Rojo	3	3	0	1	Valencia	Valencia
ARXC08A 7	Rojo	7	5	5	4		Valencia
ARXC08A 7	Rojo	7	3	5	3		Valencia
ARXC08A 7	Rojo	5	7	5	3		Valencia
ARXC08A 7	Rojo	7	3	3	2		Valencia
ARXC08A 7	Rojo	7	3	0	1		Valencia
ARXC08A 6	Rojo	5	3	7	2		
ARXC08A 6	Rojo	5	3	7	2		
ARXC08A 6	Rojo	5	3	7	2		
ARXC08A 6	Rojo	5	3	7	2		
ARXC08A 6	Rojo	5	3	7	2		
ARXC08A 5	Rojo	7	5	3	3		Valencia
ARXC08A 5	Rojo	7	5	3	3		Valencia
ARXC08A 5	Rojo	7	5	3	3		Valencia

ARXC08A 5	Rojo	7	5	3	3		Valencia
ARXC08A 5	Rojo	5	3	3	2		Valencia
ARXC08A 4	Rojo	9	5	9	3	Valencia	Valencia
ARXC08A 4	Rojo	7	7	9	3	Valencia	Valencia
ARXC08A 4	Rojo	5	5	9	3	Valencia	Valencia
ARXC08A 4	Rojo	5	5	9	3	Valencia	Valencia
ARXC08A 4	Rojo	5	5	3	2	Valencia	Valencia
ARXC08A 3	Rojo	5	5	7	3	Valencia	Valencia
ARXC08A 3	Rojo	9	5	5	3	Valencia	Valencia
ARXC08A 3	Rojo	7	7	3	4	Valencia	Valencia
ARXC08A 3	Rojo	7	7	3	2	Valencia	Valencia
ARXC08A 3	Rojo	7	7	3	2	Valencia	Valencia
ARXC08A 2	Rojo	7	5	3	3		Valencia
ARXC08A 2	Rojo	7	7	3	3		Valencia
ARXC08A 2	Rojo	5	3	3	3		Valencia
ARXC08A 2	Rojo	5	5	3	3		Valencia
ARXC08A 2	Rojo	3	5	3	4		Valencia
ARXC08A 1	Rojo	3	3	5	2		Valencia
ARXC08A 1	Rojo	5	5	3	3		Valencia
ARXC08A 1	Rojo	5	5	3	3		Valencia
ARXC08A 1	Rojo	3	5	3	3		Valencia
ARXC08A 1	Rojo	3	5	3	3		Valencia

ANEXO 5: Caracterización metabólica

Análisis de la diversidad entre las plantas de las únicas dos variedades criollas que presentan tanto plantas de tipo Español como de tipo Valencia

Tabla 4: Valores significativos para t-test de cada característica, $p < 0,05$, para análisis de plantas de PAXCO7 y ARXCO8B, con variedad agronómica como variable de clasificación

ppm	t.stat	p.value	$-\log_{10}(p)$	FDR
5,28231	9738	0,10346	49852	59591
6,55196	-74544	0,72341	41406	20834

Análisis de la diversidad entre plantas genéticamente diferentes

Tabla 5: Grupos utilizados en el análisis según resultados de genotipado

VARIEDAD	GRUPO
AAP8	A
AAP10	A
AAP4	A
C14P10	A
P6P9	A
P7P1	B
P7P7	B
C12P10	A
C12P5	A
C12P3	A
LAXP7	A
ABP5	B
ABP6	B
ABP7	B

Tabla 6: Valores significativos para t-test de cada característica, $p < 0,05$, para análisis de la diversidad de plantas clasificadas como genéticamente diferentes, con variedad agronómica como variable de clasificación

ppm	t.stat	p.value	$-\log_{10}(p)$	FDR
3,37285	10545	0,0020129	66962	11595
5,28231	-8467	0,020936	56791	60296

Heatmaps para los diferentes análisis realizados

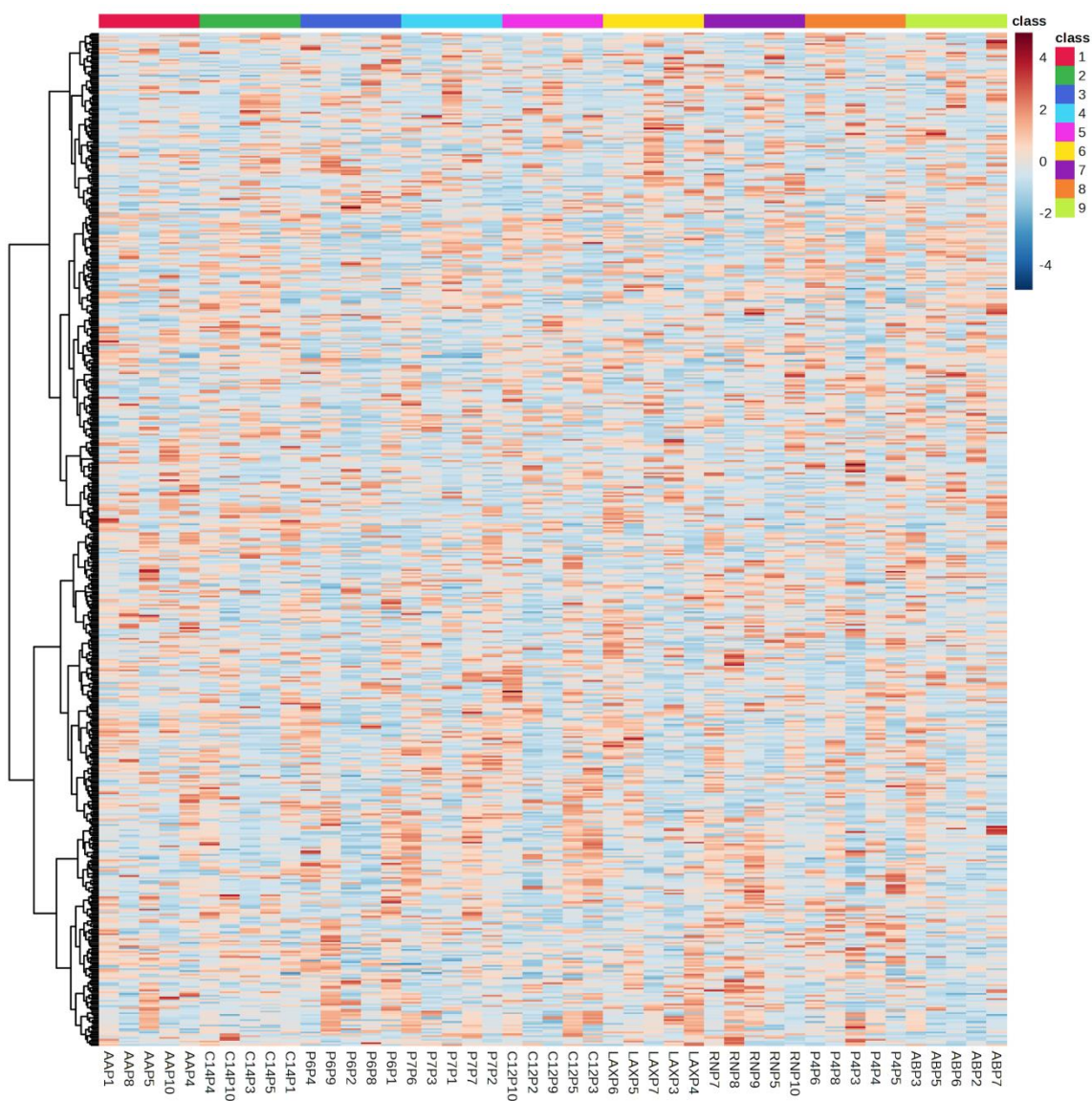


Figura 1: Heatmap para la matriz de datos obtenida a partir de los espectros de H-RMN de los extractos de las semillas de maní de nueve variedades criollas.

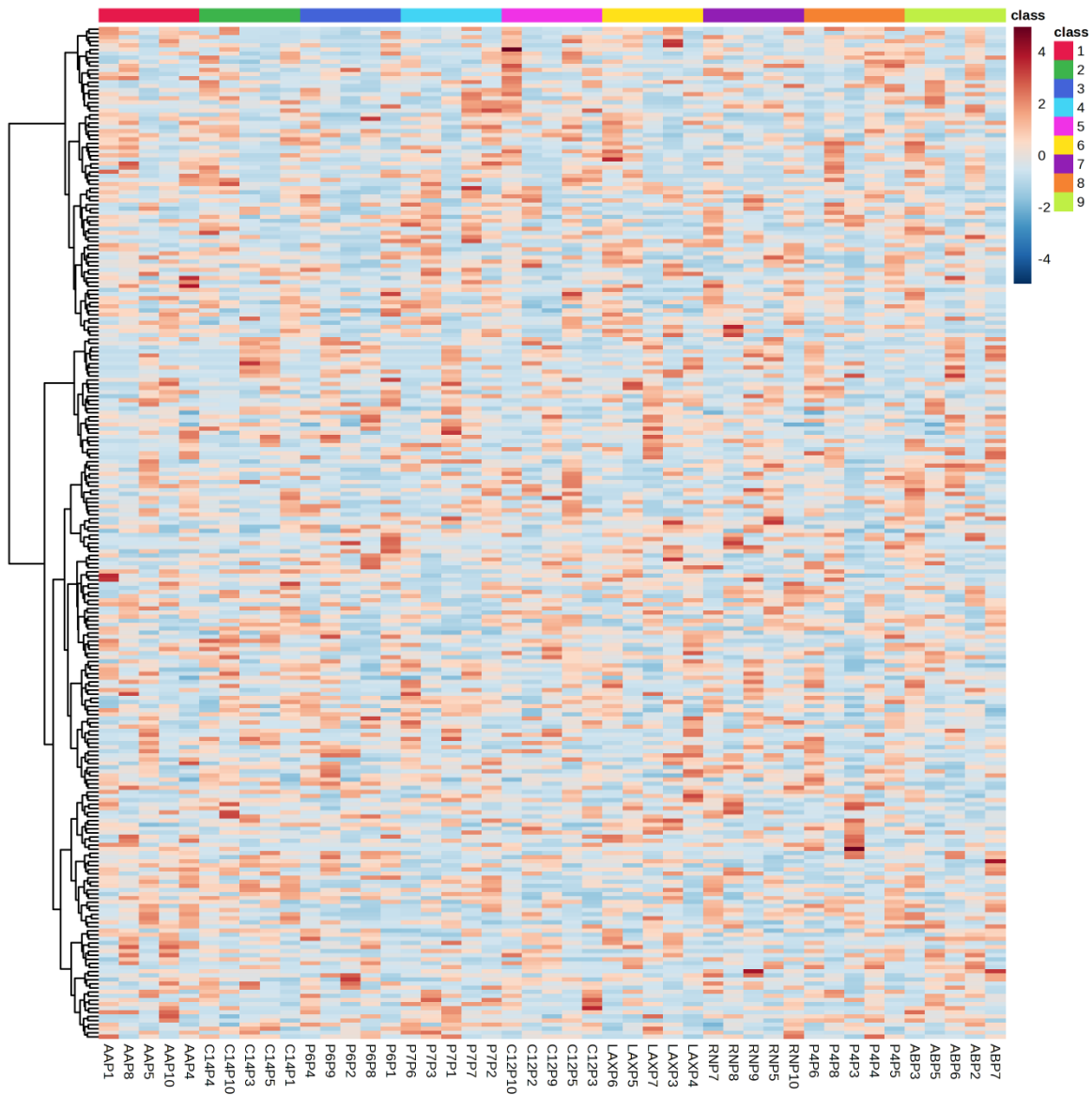


Figura 2: Heatmap para la matriz de datos obtenida a partir de los espectros de H-RMN de los extractos de las semillas de maní de nueve variedades criollas para la zona del espectro comprendida entre 6,0 y 10,0 ppm.

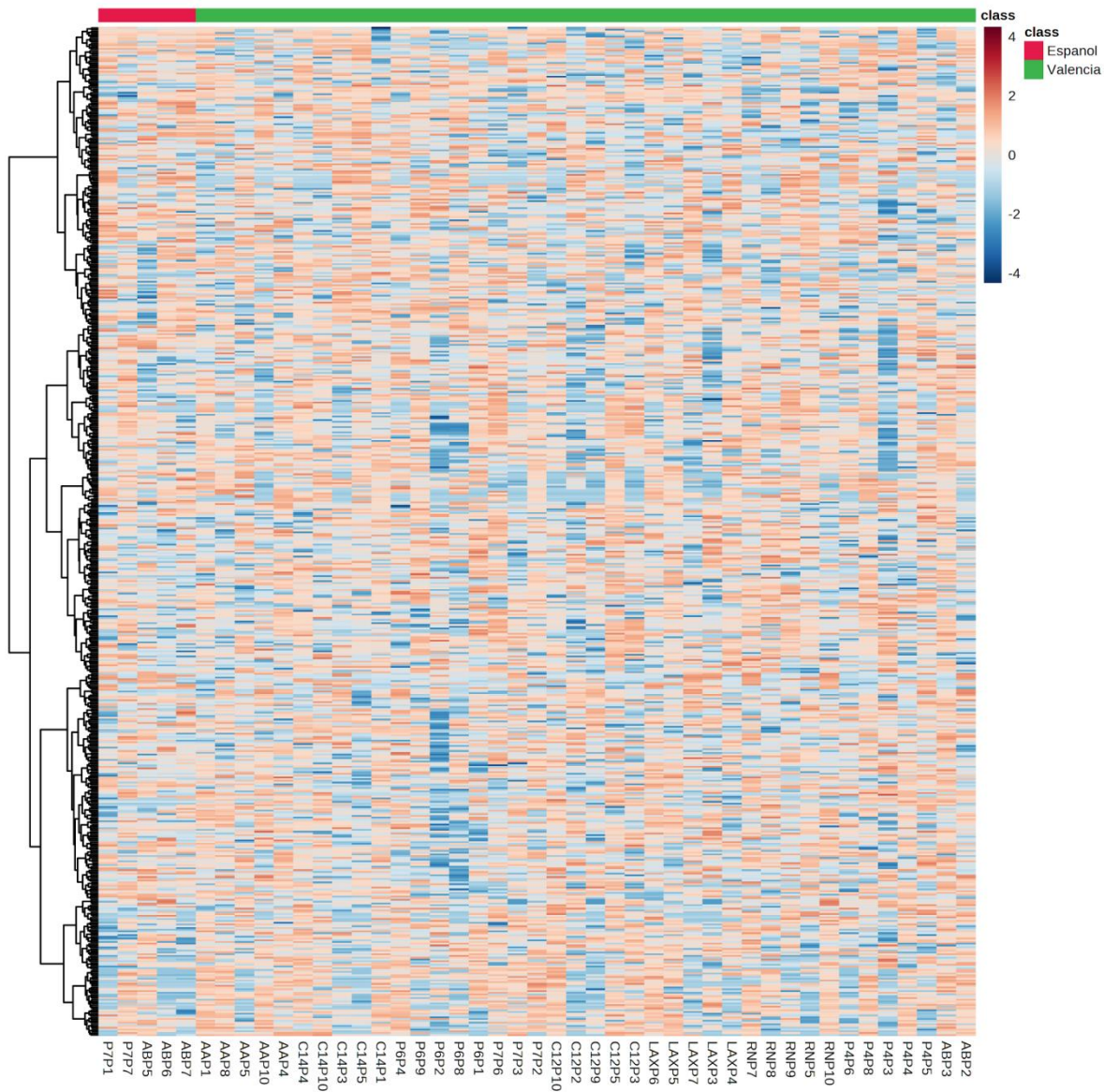


Figura 3: Heatmap para la matriz de datos obtenida a partir de los espectros de H-RMN de los extractos de las semillas de maní de tipo Español y Valencia.

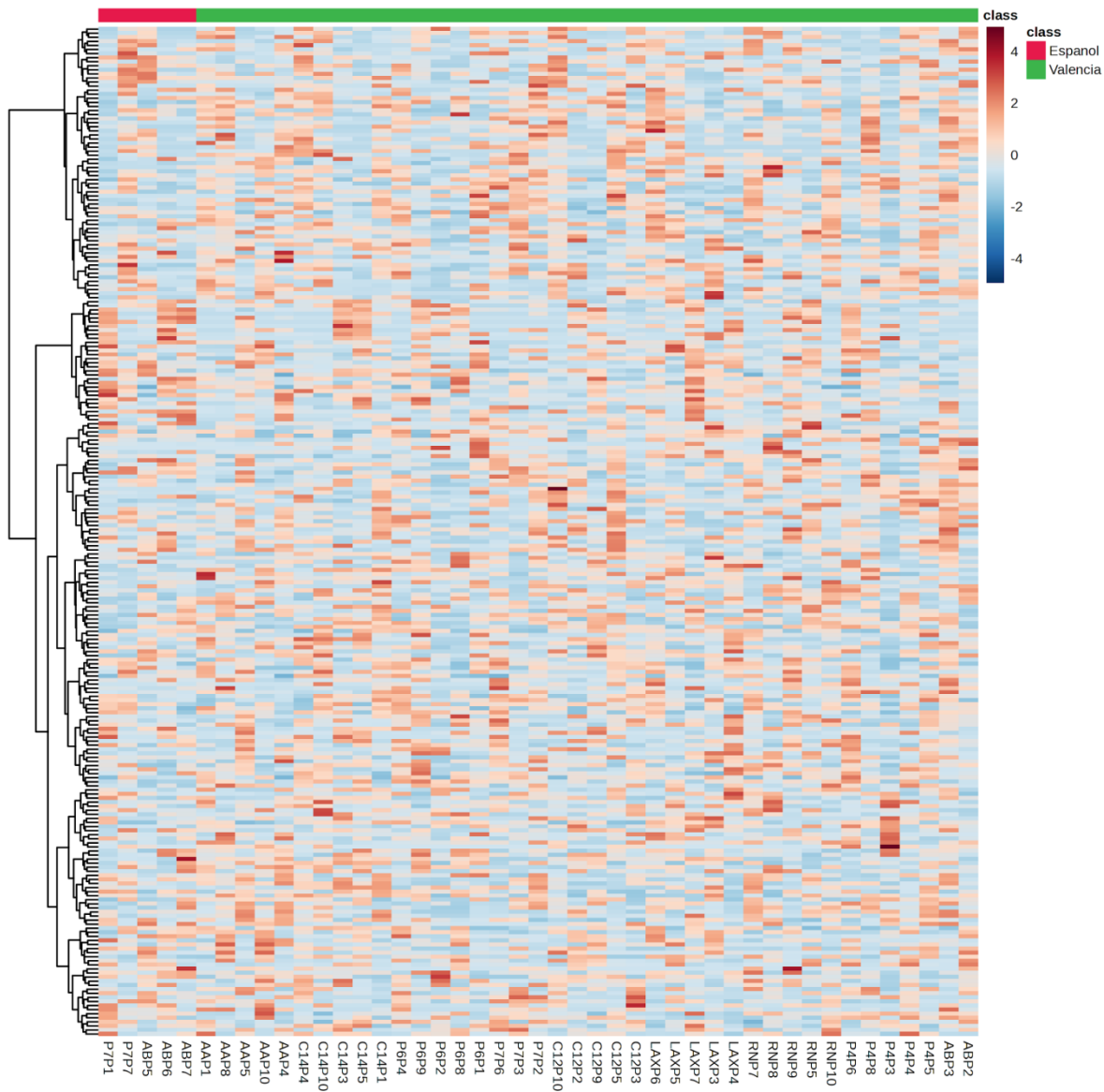


Figura 4: Heatmap para la matriz de datos obtenida a partir de los espectros de H-RMN de los extractos de las semillas de maní de tipo Español y Valencia para la zona del espectro comprendida entre 6,0 y 10,0 ppm.

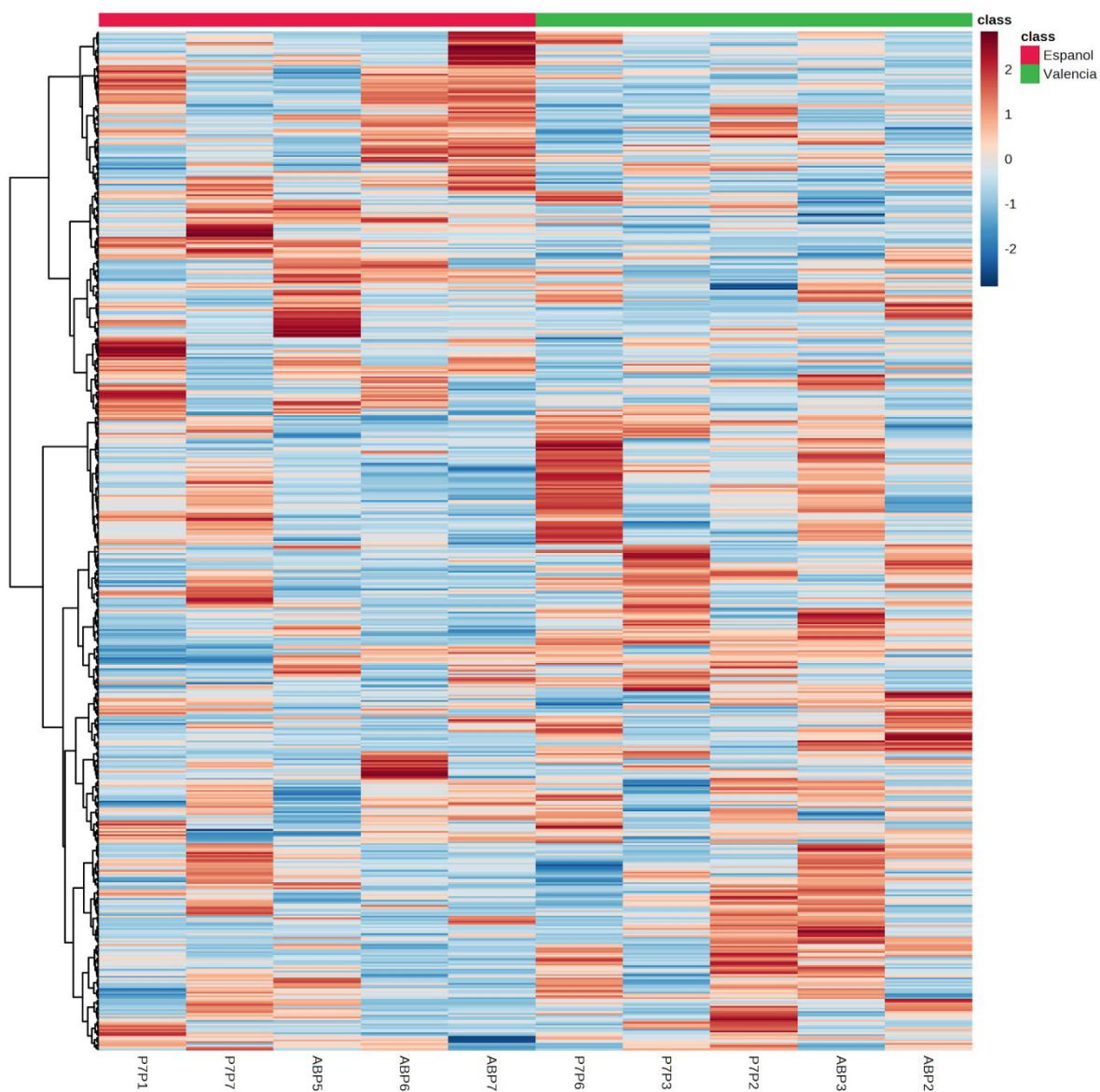


Figura 5: Heatmap de la matriz de datos de los espectros de H-RMN de los extractos de las plantas de las variedades PAXC07 y ARXC08B, con tipo agronómico como variable de clasificación.

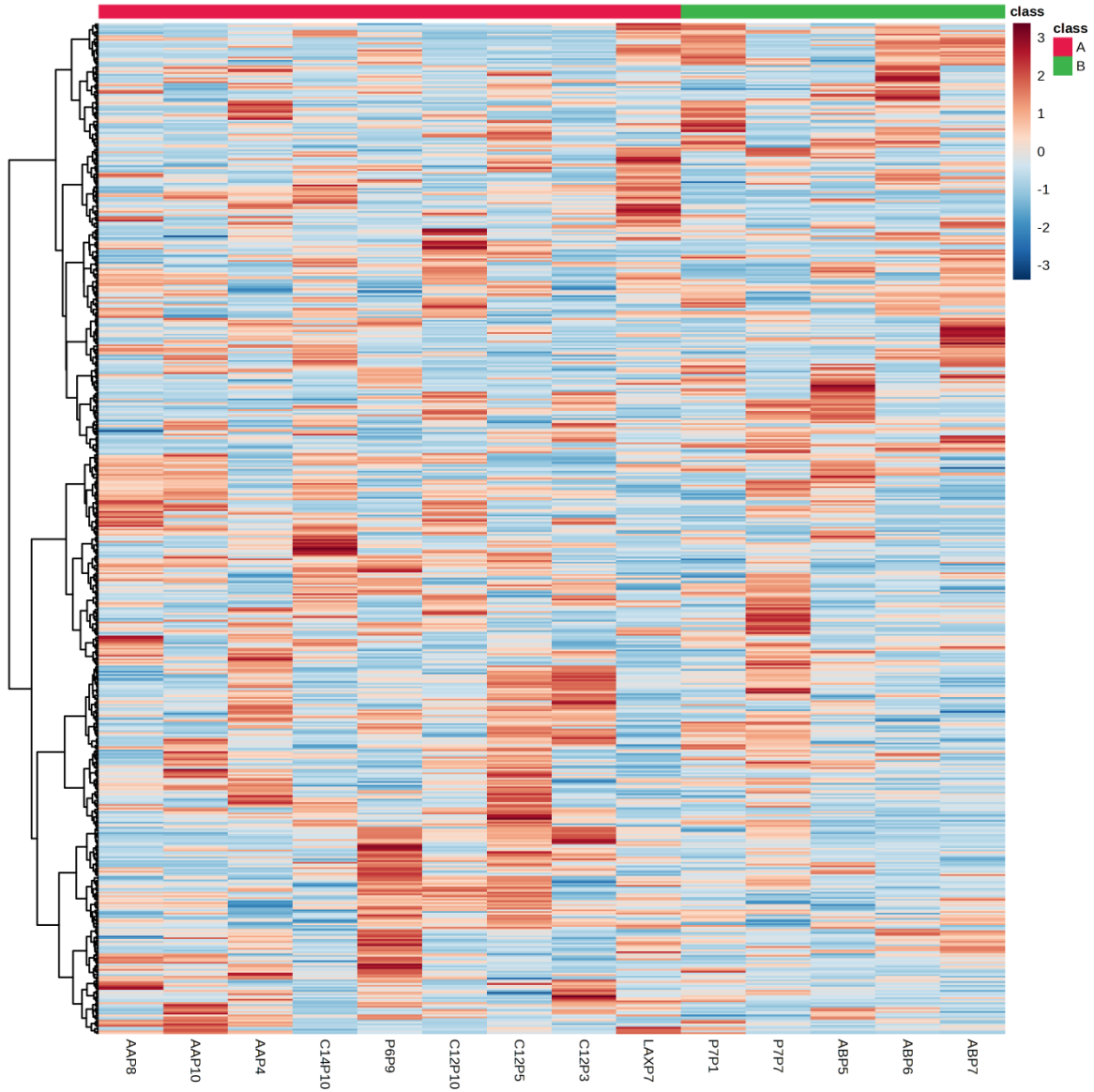


Figura 6: Heatmap construido con la matriz de datos de los espectros de H-RMN de los extractos de las semillas de las plantas de los grupos A y B (a partir de genotipado por SNPs), con tipo agronómico como variable de clasificación.