



# Libro de Resúmenes

9, 10 y 11 de Octubre de 2019  
MENDOZA - ARGENTINA



**UNCUYO**  
UNIVERSIDAD  
NACIONAL DE CUYO

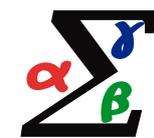
80 años



FACULTAD DE  
**CIENCIAS  
AGRARIAS**



The International  
**Biometric Society**



Grupo Argentino  
de Biometría

XXIV Reunión Científica del Grupo Argentino de Biometría  
XXIV Reunión Científica del Grupo Argentino de Biometría 9,10 y 11 de octubre de  
2019 : Mendoza-Argentina : libro de resúmenes / compilación de Joaquín Llera ... [et al].  
- 1a ed. - Mendoza : Universidad Nacional de Cuyo, 2021.  
Libro digital, PDF

Archivo Digital: descarga y online  
ISBN 978-987-575-218-4

1. Biometría. I. Llera, Joaquín, comp. II. Título.  
CDD 510.72

## Editor

Grupo Argentino de Biometría (GAB) – Región Argentina de la International  
Biometric Society.

## Compiladores

Joaquín A. Llera

Nora B. Martinengo

María Claudia Morelli

María Eugenia Martinez

Eva Marien Maure Russó



La International Biometric Society (IBS) es una sociedad internacional que promueve el desarrollo y la aplicación de la teoría y los métodos estadísticos y matemáticos en las biociencia, incluidas la agricultura, la ciencia biomédica y la salud pública, la ecología, las ciencias ambientales, la silvicultura y disciplinas afines.

La Región Argentina de la IBS llevó a cabo la XXIV Reunión Científica del Grupo Argentino de Biometría (GAB) los días 9, 10 y 11 de Octubre de 2019, organizada por el Grupo Argentino de Biometría y la Facultad de Ciencias Agrarias de la Universidad Nacional de Cuyo (Mendoza).

El encuentro tuvo como objetivo proveer un ámbito propicio para el intercambio y la discusión de ideas motivadoras e inspiradoras para la comunidad de profesionales especializados en Biometría, difundir los resultados de su trabajo, promover y fortalecer la generación de vínculos entre instituciones y reforzar la formación de recursos humanos.

Las actividades programadas fueron: conferencias de reconocidos biometristas, mini-cursos, exposición de trabajos científicos, mesa de análisis de datos, concurso de jóvenes biometristas y la Asamblea Anual Ordinaria del GAB.

## Comisión directiva Región Argentina (GAB)

Presidente: Pablo D. Reeb

Vicepresidente: Silvia Sühling

Secretario: Guillermo Sabino

Tesorero: Maria Inés Urrutia

Vocal Titular: Susana Filippini

Vocal Titular: Gustavo Giménez

Vocal Suplente: María del Carmen Romero

Vocal Suplente: Erika Raña

## Comité Científico

Balzarini, Mónica

Bramardi, Sergio

Casanoves, Fernando

Cendoya, Gabriela

Di Rienzo, Julio

Filippini, Susana

Macchiavelli, Raúl

Reeb, Pablo

Winzer, Nélica

## Comisión Organizadora Local

Joaquín A. Llera

Nora B. Martinengo

María C. Morelli

María E. Martinez

Eva M. Maure Russo

Laura L. Cánovas

Eje  
MULTIVARIADO



## Contenido

### Resumen Extendido

Análisis factorial en ensayos multiambientales comparativos de cultivares de trigo para calidad de grano.....	1
Criterios para la conformación de un banco de germoplasma de banana.....	4
Estructura genética en loci asociados a bacteriosis en un panel diverso de líneas de maíz ( <i>Zea mays</i> L.).....	7

### Resumen Corto

AFM y MLG para el estudio de la migración reproductiva de salmónidos en relación con variables ambientales.....	10
Aplicación de Metodología Estadística Multivariada en datos de Anamnesis Alimentaria en barrios de la ciudad de Mar del Plata, Buenos Aires.....	11
Aplicación de métodos de tres vías en caracteres sensoriales de vinos no tradicionales de la Norpatagonia.....	12
Caracterización de sitios según la calidad del agua en el curso superior del río Negro, Argentina.....	13
Comparación entre Análisis Canónico de Correspondencias y Análisis Factorial Múltiple en datos de conjuntos múltiples.....	14
Datos composicionales aplicados al estudio de fracciones de fósforo, en dos regiones de distinta geomorfología.....	15
MEDIDA DE LA EXPANSIÓN DE UNA DISTANCIA AL ACERCARSE AL VÉRTICE EN UN ANÁLISIS COMPOSICIONAL.....	16
Técnicas duales para análisis de datos de conjuntos múltiples con estructura de partición del conjunto de individuos.....	17
Valoración de los consumidores de una papa fresca con calidad diferenciada.....	18

# Análisis factorial en ensayos multiambientales comparativos de cultivares de trigo para calidad de grano

Del Vecchio E; Balzarini M y Abbate P.  
Universidad Nacional de Córdoba, CONICET, INTA Balcarce.  
estefaniadelvecchio@gmail.com

## Resumen

*El aumento sostenido de la producción agrícola orienta a los mejoradores a alcanzar mayores rendimientos y mejores calidades de commodities y productos agroalimentarios en un marco de agricultura sostenible. La elección de un cultivar de trigo (*Triticum aestivum* L.) por sus variables de calidad es clave para definir el destino de la cosecha. A tal fin los investigadores tratan con ensayos que involucran varios ambientes (E) para comparar genotipos (G) a través de múltiples variables. Técnicas multivariadas como análisis factorial (FA), análisis de componentes principales (ACP), y análisis de conglomerados (AC) se han utilizado ampliamente para identificar grupos. FA y ACP sintetizan los datos en unos pocos componentes que retienen la cantidad máxima de información contenida en el mayor número de variables originales, haciendo que la interpretación sea más fácil. En el presente trabajo, se muestra la complementación de FA, ACP, y AC para diferenciar grupos de cultivares comerciales definidos por variables de calidad importantes en la industria y comercialización del trigo. Se analizaron matrices GxE de datos de calidad de 235 genotipos de trigo harinero, cultivados en 19 ambientes, divididos en 6 subregiones trigeras de Argentina, durante diez años. Nueve atributos de calidad importantes en la comercialización se utilizaron para determinar los subgrupos de calidad. Se obtuvieron 4 grupos bien definidos de acuerdo con estas variables de calidad.*

## Palabras Clave

Análisis de Componentes Principales, Análisis de Conglomerado, mejoramiento de plantas, clasificación de genotipos.

## Introducción

La interacción GxE (Kang et al., 2004) puede impactar fuertemente en el rendimiento y la calidad de las cosechas y por tanto el mercado de valores de los cultivos (Dardanelli et al., 2006; Munaro et al., 2011).

La RET (Red de ensayos comparativos de variedades de trigo) es una red de ensayos a nivel nacional con el propósito de orientar al productor sobre el comportamiento de los distintos cultivares, es decir, variedades, de trigo pan comercializados en Argentina, brindando información para elegir correctamente el cultivar más apropiado para cada localidad y sistema de producción (Abbate, 2016). Argentina es uno de los principales productores de Trigo, entre 18-20 millones de toneladas cada año, el cual tiene diferentes destinos comerciales, el consumo interno uno de los principales que en cuanto a calidad demandan una mayor concentración de Gluten, un alto peso hectolitrico y parametro W. Para exportación en lo cual se demandan un alto nivel de Peso Hectolitrico y concentración de Proteína. Y la Industria brasilera que requieren de este trigo para mejorar la calidad del trigo de exportación demandan mayor concentración de Proteína, alta estabilidad del farinograma y alto parametro W.

## Material y Métodos.

Se realiza un Análisis de Componentes Principales (ACP), que tratará de representar “de forma clara y ordenada”, la variedad de los comportamientos observados en datos de calidad de cultivares comerciales de trigo, de 10 temporadas, entre 2000-2015, en 19 localidades en 6 zonas triguera de Argentina, se evaluaron 235 cultivares mediante un conjunto de 9 variables más significativas utilizadas para determinar la calidad comercial: gluten húmedo, gluten seco, proteína, parámetro W, volumen pan, estabilidad farinografica, peso hectolitrico, rendimiento harinero y Cenizas.

El estudio del ACP se realiza a través del Análisis Factorial, el cual intenta identificar variables subyacentes, o factores que expliquen la configuración de correlaciones dentro de un conjunto de variables observadas (Abdi et al., 2013). Es necesario que entre las variables de estudio haya una estructura importante de correlación. El ACP y AF se realizaron sobre la matriz de correlaciones, dando igual importancia a todas las variables originales y permitiendo utilizar el tamaño de los autovalores como un criterio para decidir si el número de factores que estarán presentes en la solución factorial. Luego se realiza un AC combinado con ACP colocando a los cultivares en grupos sugeridos por datos. El número de grupos se obtiene a través del número óptimo de clúster para la implementación de agrupamiento jerárquico a partir de los factores del ACP, utilizando la librería Nbclust.

Todos los análisis y gráficos se realizaron con el software R.

## Resultados.

Consideramos que utilizar cuatro factores es lo mas adecuado, los cuales explican un 85,8% de la varianza. Como podemos observar en la figura 1, primer factor explica el 40,2% de la varianza correlacionado con las variables proteicas de calidad (gluten húmedo, gluten seco y proteína), el segundo factor explica el 22,1% de la varianza relacionado con variables que componen el potencial de masa, estabilidad, volumen pan y parámetro W. El tercer factor explica el 13,1% de la varianza correlacionado con el peso hectolitrico, y el cuarto factor explica el 10,4 % de la varianza correlacionado con el rendimiento harinero.

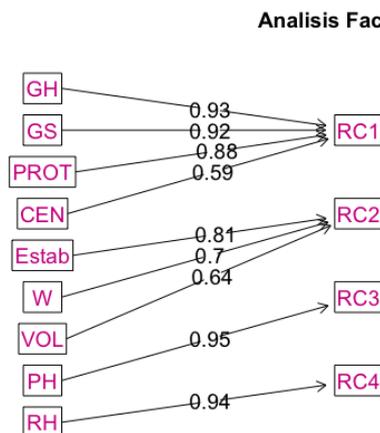


Figura 1: Relación entre las variables originales y los 4 factores del ACP.

A partir de los cuatro factores que obtuvimos con el ACP, realizamos clúster de cultivares. Para obtener el numero optimo de clúster utilizamos la librería NbClust, el cual analiza 30 índices diferentes de formación de clúster y arroja una cantidad de clúster recomendada, en la figura 2 se observa que cinco clústeres es la cantidad recomendados por la mayoría de los índices.

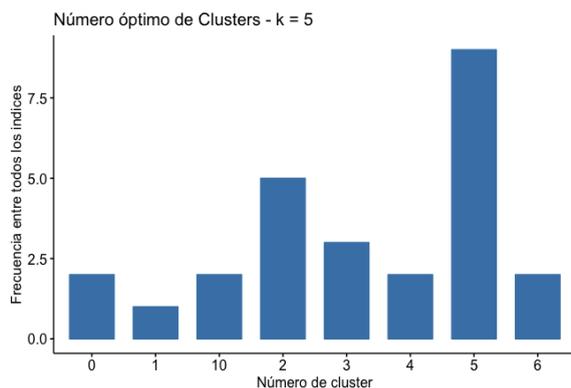


Figura 2: Número óptimo de clúster de acuerdo con 30 índices de clúster.

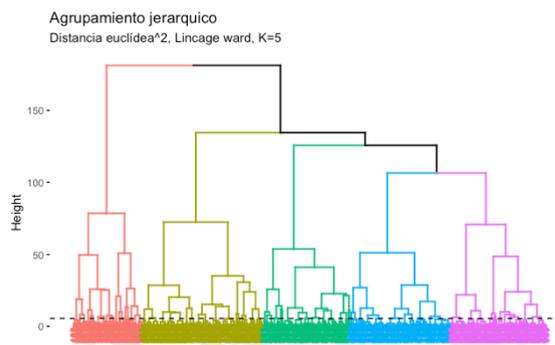


Figura 3: Dendograma de análisis de cluster jerárquico.

Utilizamos la distancia euclídea y el criterio WARD para construir los cluster jerárquicos como se puede ver en la figura 3, hemos obtenido las clases de los cluster a partir de las variables, en la tabla 1 podemos identificar una clasificación de los cluster según los parámetros de calidad.

Tabla1: Clasificación de los cluster de acuerdo a las características de calidad.

Cluster 1	Cluster 2	Cluster 3	Cluster 4	Cluster 5
Alto RH, CEN, y VOL variables que componen el potencial de la masa.	Alto PH Bajo Estab, VOL, PROT, GH, GS y W.	Altos valores de todas las variables y bajo PH.	Valores de Estab, W, RH, y PH muy bajos.	Alto VOL, GH. y GS.

### Conclusión.

Podemos definir que las cultivares de Trigo pan analizados pueden agruparse en 5 grupos bien definidos y clasificados de acuerdo a los parámetros de calidad más significativos para la comercialización.

### Referencias.

Abbate P.E. 2016. Principales atributos de calidad de los cultivares de trigo disponibles en la Subregión triguera de Argentina. EEA Balcarce, INTA.

Dardanelli J., Balzarini M., Martínez M., Cuniberti M., Resnik S., Ramunda S., Herrero R. and Baigorri H. 2006. Soybean maturity groups, environments, and their interaction define mega-environments for seed composition in Argentina. *Crop Sci.* 46(5):1939-1947.

Abdi H., Williams L. J., Valentin D. 2013. Multiple factor analysis: Principal component analysis for multitable and multiblock data sets. *Wiley Interdisciplinary Reviews: Computational Statistics*, 5 (2), pp. 149-179.

Kang M.S. and Gauch H.G. 1996. Genotype-by-environment interaction. CRC Press, Boca Ratón, Florida, USA, 339 pp.

RStudio Team (2015). RStudio: Integrated Development for R. RStudio, Inc., Boston, MA URL <http://www.rstudio.com/>.

## Criterios para la conformación de un banco de germoplasma de banana

Del Medico, A. P. 1; Degreef, S. 1; Tenaglia, G. 2; Lavalle, A. 3; Vitelleschi, M. S. 4; Pratta, G.R. 1

1 Instituto de Investigaciones en Ciencias Agrarias de Rosario (IICAR), CONICET/UNR, Argentina 2  
Instituto de Investigación y Desarrollo Tecnológico para la Agricultura Familiar (IPAF), INTA,  
Argentina 3 Departamento de Estadística. Universidad Nacional del Comahue, Argentina 4  
Instituto de Investigaciones Teóricas y Aplicadas de la Escuela de Estadística (IITAE), CIUNR/UNR,  
Argentina

[adelmedico@fcecon.unr.edu.ar](mailto:adelmedico@fcecon.unr.edu.ar)

### Resumen

*Un banco de germoplasma es una colección de material vegetal vivo que tiene como finalidad conservar la variabilidad genética existente en una o varias especies de interés. En un híbrido de reproducción asexual como banana (*Musa spp.*), la evaluación de clones, en el corto plazo, se ve limitada por no disponer del número adecuado de repeticiones, por lo que los análisis estadísticos clásicos son difíciles de aplicar. Con el objetivo de fijar criterios para la conformación de un banco de germoplasma de banana se realizó un Análisis Factorial Múltiple Mixto (AFMM) a una población compuesta por 144 clones de banana recolectados en diferentes campos de productores de la provincia de Formosa, Argentina. Se evaluaron 2 grupos de variables relacionados con la aptitud agronómica de los clones: uno conformado por 9 caracteres fenotípicos cuantitativos y, el otro, por 3 caracteres cualitativos ordinales. La razón de emplear AFMM fue otorgar similar ponderación a ambos tipos de caracteres. Los dos primeros ejes del AFMM explicaron un 49.47% de la variabilidad total de los datos. Los atributos cuantitativos que más contribuyeron a la formación del primer factor fueron peso de las manos, peso del raquis, diámetro y ancho de la planta. Los caracteres cualitativos ordinales que más aportaron a dicho factor fueron cantidad de manos y de dedos. En cambio, en el segundo eje no se observaron contribuciones considerables de las variables cuantitativas, sin embargo, sí lo hizo el carácter cualitativo cantidad de hojas. En efecto, se logró caracterizar al conjunto de clones de banana por los caracteres cuantitativos y cualitativos. Esto permitirá identificar los clones, de tal forma de construir un subconjunto que presente la mayor diversidad teniendo en cuenta ambos tipos de caracteres.*

### Palabras Clave

*Musa spp.*, análisis factorial múltiple mixto, banco de germoplasma

### Introducción

Un banco de germoplasma es una colección de material vegetal vivo que tiene como objeto conservar la variabilidad genética existente en una o varias especies de interés. Los bancos de germoplasma son el medio principal para proteger la fitodiversidad de las diferentes especies vegetales e identificar accesiones para los programas de mejoramiento, investigaciones básicas y la producción (Banco de Germoplasma, 2019).

La banana (*Musa* spp.) es un cultivo que tiene una importancia fundamental para las economías de muchos países en desarrollo. En términos de valor bruto de producción, es el cuarto cultivo alimentario más importante del mundo, después del arroz, el trigo y el maíz (Arias, Dankers, Liu & Pilkauskas, 2004). Siendo un híbrido de reproducción asexual, la selección de clones, en el corto plazo, se ve limitada por no disponer del número adecuado de repeticiones. En nuestro país el cultivo de banana sufre de condiciones climáticas sub-óptimas, afectando a la diversidad. Por lo tanto, en Argentina, hay genotipos adaptados a ambientes no favorables. Es así que, en el país, se presenta una diversidad del cultivo única en el mundo.

En trabajos previos se han desarrollado índices para seleccionar los mejores fenotipos de banana de manera de incrementar la producción agronómica mediante análisis multivariados. En contraposición, el objetivo de este trabajo es fijar criterios para seleccionar clones de manera de conservar variabilidad para caracteres cuantitativos y cualitativos, con el fin de conformar un banco de germoplasma de banana.

### **Material y Métodos**

Se dispuso de una población compuesta por 144 clones de banana recolectados en diferentes campos de productores de la provincia de Formosa, Argentina. Se llevó a cabo un diseño de experimento aumentado, donde sólo los testigos poseían repeticiones. Con los valores obtenidos en los testigos se calculó la heredabilidad en sentido amplio para caracteres cuantitativos (datos no presentados en este resumen por falta de espacio). Se evaluaron 2 grupos de variables relacionados con la aptitud agronómica de los clones: uno conformado por 9 caracteres fenotípicos cuantitativos y, el otro, por 3 caracteres cualitativos ordinales.

Con el objetivo de fijar criterios para la conformación de un banco de germoplasma de banana se realizó un Análisis Factorial Múltiple Mixto (AFMM) (Pagès, 2014). Esta metodología permite analizar simultáneamente dos grupos de variables de distinta naturaleza, evaluados sobre el mismo conjunto de individuos. El beneficio del AFMM, sobre otras metodologías existentes, es que le asigna igual importancia a ambos grupos de variables.

### **Resultados**

Los dos primeros ejes del AFMM explicaron un 49.47% de la variabilidad total de los datos. El primer factor correspondiente al análisis parcial realizado sobre el grupo de variables cuantitativas presentó correlación moderada y negativa (-0.64) con el primer factor obtenido en el grupo de variables cualitativas. Por el contrario, los restantes factores de ambos análisis no presentaron correlación entre ellos (Tabla 1).

Los atributos cuantitativos que más contribuyeron en forma positiva a la formación del primer factor fueron peso de las manos, peso del raquis, diámetro y altura (Tabla 2). Por otro lado, los caracteres cualitativos ordinales que más aportaron a dicho factor fueron cantidad de manos y de dedos (Tabla 3). En cambio, en el segundo eje no se observaron contribuciones considerables de las variables cuantitativas, que, sin embargo, sí las hizo el carácter cualitativo cantidad de hojas (Tabla 2 y 3). La correlación entre ambos grupos de

variables se midió a través del coeficiente RV. El mismo resultó igual a 0.31, valor que indica poca asociación entre los conjuntos de variables evaluados.

Tabla 1: Correlaciones entre los factores de los análisis separados

		<b>Grupo 1 (ACP)</b>		
		<b>F1</b>	<b>F2</b>	<b>F3</b>
<b>Grupo 2 (ACM)</b>	<b>F1</b>	-0.64	0.30	0.33
	<b>F2</b>	0.11	0.06	0.01
	<b>F3</b>	0.05	0.04	0.14

Tabla 2: Coordenadas de las variables cuantitativas sobre los dos primeros factores del AFMM

<b>Variables</b>	<b>F1</b>	<b>F2</b>
<b>Altura</b>	0.62	-0.20
<b>Diámetro</b>	0.77	0.01
<b>peso del Raquis</b>	0.82	0.06
<b>peso de manos</b>	0.83	0.08
<b>diámetro segunda mano</b>	0.13	0.02
<b>longitud segunda mano</b>	0.52	0.18
<b>diámetro última mano</b>	0.14	0.22
<b>longitud última mano</b>	0.29	0.31
<b>grosor de cascara</b>	-0.12	0.03

Tabla 3: Coordenadas de las categorías de las variables cualitativas sobre los dos primeros factores del AFMM

<b>Variables</b>	<b>F1</b>	<b>F2</b>
<b>Pocas hojas</b>	-0.56	-0.92
<b>Muchas hojas</b>	0.32	0.53
<b>Pocas manos</b>	-1.62	0.64
<b>Muchas manos</b>	0.45	-0.18
<b>Pocos dedos</b>	-1.08	0.11
<b>Muchos dedos</b>	1.00	-0.10

## Discusión

La aplicación del AFMM permitió caracterizar al conjunto de clones de banana por los caracteres cuantitativos y cualitativos. El RV calculado entre ambos grupos resultó pequeño, indicando que la información que brindan ambos tipos de variables es complementaria. En efecto, se deberían tener en cuenta ambos tipos de caracteres para establecer criterios objetivos y mensurables para identificar un subconjunto de clones que presente la mayor diversidad, con los que se conformará un Banco de Germoplasma.

## Referencias

- Arias, P., Dankers, C., Liu, P., & Pilkauskas, P. (Eds.). (2004). *La economía mundial del banano 1985-2002* (No. 1). Food & Agriculture Org.
- Banco de Germoplasma. (2019). Lugar de publicación: EcuRed: Enciclopedia cubana. Cuba. Recuperado de [https://www.ecured.cu/Banco\\_de\\_Germoplasma](https://www.ecured.cu/Banco_de_Germoplasma)
- Pagès, J. (2014). *Multiple factor analysis by example using R*. Chapman and Hall/CRC.

## Estructura genética en loci asociados a bacteriosis en un panel diverso de líneas de maíz (*Zea mays* L.)

Ruiz Marcos<sup>1</sup>, Videla Eugenia<sup>2,3</sup>, Rossi Ezequiel<sup>1</sup>, Bonamico Natalia<sup>1</sup>, Bruno Cecilia<sup>2</sup>, Balzarini Mónica<sup>2</sup>

<sup>1</sup>FAV-UNRC, INIAB; <sup>2</sup>FCA-UNC, Grupo vinculado a UFyMA-CONICET. <sup>3</sup>UNVM

E-mail: [marcosruiz92@hotmail.com](mailto:marcosruiz92@hotmail.com)

### Resumen

Las enfermedades de las plantas cultivadas originan pérdidas en la producción y representan una amenaza para la seguridad alimentaria mundial. La resistencia genética cuantitativa puede ser una fuente de resistencia duradera. En maíz, se han reportado QTL para resistencia a bacteriosis (*Pantoea ananatis*). El mapeo asociativo para loci de resistencia requiere identificar si el panel de líneas presenta estratificación en la estructura genética para evitar asociaciones espurias entre los marcadores y el fenotipo. El objetivo del presente trabajo fue describir la estructura genética de líneas de maíz según loci asociados a bacteriosis. Un panel diverso de 266 líneas endocriadas de maíz de CIMMYT, constituido por líneas de ocho procedencias por su adaptación ambiental y programa de mejora, y 963 SNP asociados a bacteriosis fueron utilizados. Las líneas fueron agrupadas con el método bayesiano implementado en STRUCTURE y con el método no-jerárquico k-means, distancia de Jaccard. Posteriormente, se estimó el consenso entre ambos agrupamientos. La visualización de los ordenamientos se realizó en el plano de las dos primeras coordenadas de un Análisis de Coordenadas Principales. La estructura genética del panel diverso de líneas de maíz se estratificó en tres grupos.

### Palabras Clave

Marcadores Moleculares, Estructura Genética Poblacional, Análisis Multivariado

### Introducción

Las enfermedades de las plantas cultivadas originan importantes pérdidas en la producción y representan una amenaza para la seguridad alimentaria mundial y la sostenibilidad agrícola (Nelson et al., 2018). El uso de resistencia genética es el método más económico y ambientalmente sustentable (Redinbaugh y Pratt 2009). En maíz (*Zea mays* L.), QTL (quantitative trait loci) para resistencia a bacteriosis (*Pantoea ananatis*) fueron reportados por Gomes de Paula Lana et al. (2017). El mapeo asociativo requiere identificar la existencia de estratificación en la estructura genética poblacional para evitar falsas asociaciones entre los marcadores y el fenotipo (Hao et al., 2015). Wu et al. (2016) sugieren que el panel completo de líneas endocriadas de CIMMYT conforma ocho grupos según su adaptación ambiental y programa de mejora: Africa Lowland; Africa MA/ST, Asia Lowland, Highland, Lowland, South America, Subtropical y Lowland Latinoamérica. No obstante, los mismos autores sugieren que existen tres grupos según la estructura genética poblacional. El objetivo del presente trabajo fue explorar la estructura genética en un conjunto de líneas de maíz de CIMMYT para loci asociados a bacteriosis.

### Materiales y Métodos

El panel diverso utilizado está constituido por 266 líneas endocriadas de maíz de CIMMYT, genotipadas con 362008 SNP (Wu et al., 2016). Los SNP con más del 10% de datos faltantes, frecuencia alélica mínima menor al 15% y frecuencia alélica máxima de 1 fueron descartados, resultando una matriz de 8713 SNP. En esta matriz, los datos faltantes fueron imputados con el método del vecino más cercano y la distancia euclídea. Luego, 1024 SNP ubicados en regiones genómicas (bin) de los cromosomas 1, 2, 3, 4 y 8 asociadas a bacteriosis (Gomes de Paula Lana et al., 2017) fueron seleccionados. Los marcadores

duplicados fueron eliminados obteniendo finalmente, una matriz de 266 líneas de maíz (filas) y 963 SNP (columnas).

Para determinar el número de grupos que conforman la estructura genética, se utilizaron el método bayesiano implementado en el software STRUCTURE (Pritchard et al., 2000) y el método basado en distancias k-means con la distancia de Jaccard, entre perfiles moleculares de pares de líneas. El método bayesiano asigna probabilísticamente, a partir de las frecuencias alélicas de los loci, la pertenencia de cada línea a un grupo k. Se utilizó la metodología de Evanno et al. (2005) con STRUCTURE-Harvester que evalúa distinto número de grupos y muestra un pico en el número más probable. El método k-means se corrió con k=2 a 10 grupos y se evaluó la heterogeneidad dentro de cada grupo. El número óptimo de grupos se identificó mediante cambios de pendiente en la curva que muestra la caída en la medida de heterogeneidad dentro de grupos. La probabilidad *a posteriori* de pertenencia en STRUCTURE, medida de credibilidad en la asignación de una línea a un grupo, puede ser baja y producir heterogeneidad intra-grupo. A partir del número de grupos más probable (Evanno et al., 2005), fueron seleccionadas líneas cuya probabilidad de pertenencia superó el valor 0,91, denominadas líneas “bien clasificadas”. Este grupo de líneas fue sometido a un análisis de conglomerado con el método k-means y se determinó el número de grupos sugerido por este método. Se evaluó el consenso entre los métodos de agrupamiento con la matriz de confusión aplicada con el paquete caret de R (R core team, 2019). La clasificación de las líneas fue visualizada en el espacio conformado por las dos primeras variables sintéticas provenientes de un Análisis de Coordenadas Principales para cada una de las técnicas utilizadas (STRUCTURE y K-means), según el grupo óptimo.

## Resultados y Discusión

El software STRUCTURE identificó ocho grupos en la estructura genética, no obstante, pocos estaban constituidos por más de 10 líneas. En este agrupamiento, líneas de South America y Subtropical conformaron el grupo 1. El grupo 2 presentó líneas de las ocho adaptaciones ambientales, conteniendo la totalidad de líneas de África Lowland, Highland y South America LT; y alrededor del 70% de las de África MA/ST, Subtropical y South America. A su vez, se observó que Lowland participó en el 75% de los grupos identificados. El grupo 8 estuvo constituido por líneas de tres procedencias, mayoritariamente Asia Lowland y Subtropical.

El método k-means aplicado a las líneas “bien clasificadas” por STRUCTURE sugirió tres grupos (Figura 1), tal como lo reporta Wu et al. (2016), los cuales se visualizaron en el espacio bidimensional del Análisis de Coordenadas Principales (Figura 2). Esta configuración fue consistente a la obtenida mediante STRUCTURE al realizar nuevamente la conglomeración con las líneas (n=183) seleccionadas por presentar una probabilidad de asignación superior a 0,91 (Figura 2). La matriz de confusión entre las clasificaciones de ambos métodos generó un coeficiente Kappa de consenso de 0,2449 para k=8 y de cero para k=3.

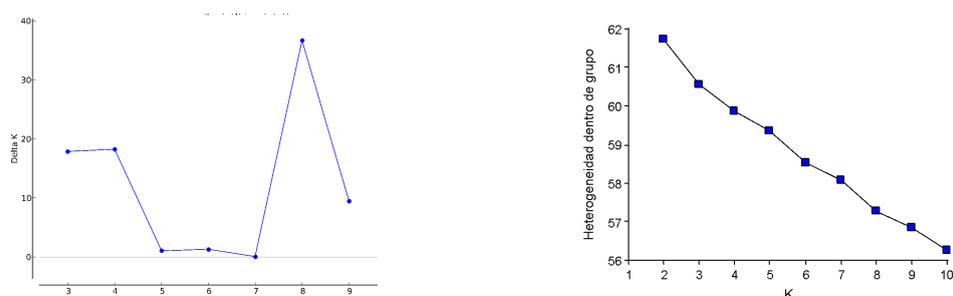


Figura 1. Gráfico de variabilidad intra-grupo en función de k conglomerados para determinar el número óptimo de grupos. STRUCTURE sugiere k=8 grupos (máximo valor de delta k) (izquierda) y K-means sugiere k=3 (cambio de pendiente de la recta) (derecha).

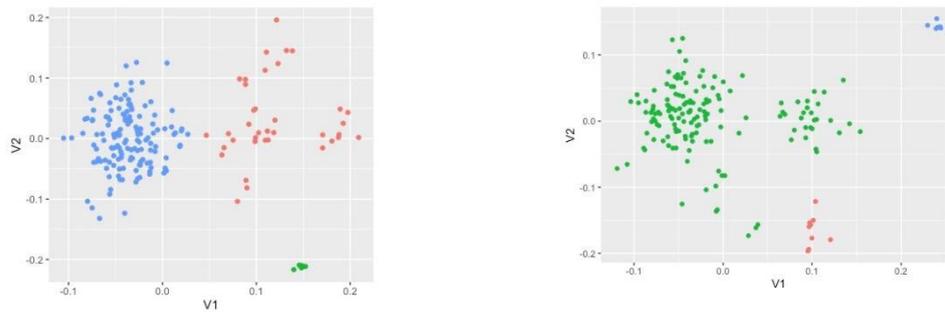


Figura 2. Visualización de la clasificación de las líneas de maíz por el método de agrupamiento bayesiano STRUCTURE (izquierda) y el método no-jerárquico k-means (derecha) en el espacio de las dos primeras coordenadas del Análisis de Coordenadas Principales. Ordenamiento según  $k=3$  con las líneas “bien seleccionadas” por tener probabilidad a posteriori mayor a 0.91 de pertenecer al grupo asignado según STRUCTURE.

## Conclusión

La estructura genética poblacional generada a partir de loci asociados a bacteriosis en el panel diverso de líneas de maíz utilizado se estratificó en tres grupos, a pesar de que provienen de ocho sitios de adaptación ambiental y programas de mejora.

## Agradecimientos

Ministerio de Ciencia y Tecnología de la Provincia de Córdoba-PIODO 2018.

## Referencias

- Evanno, G., Regnaut, S., Goudet, J. (2005). Detecting the number of clusters of individuals using the software STRUCTURE: A simulation study. *Molecular Ecology* 14(8):2611–2620 <https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.2005.02553.x>.
- Gomes de Paula Lana, U., I.R. Prazeres de Souza, R.W. Noda, M.M. Pastina, J. Vieira Magalhaes, C. Teixeira Guimaraes. (2017). Quantitative trait loci and resistance gene analogs associated with maize white spot resistance. *Plant Dis.* 101:200–208. doi:10.1094/PDIS-06-16-0899-RE.
- Hao, D., Cheng, Y., Chen, G., Lu, H., Shi, M., Zhang, Z., Huang, X., Mao, Y., Xue, L. (2015). Identification of significant single nucleotide polymorphisms for resistance to maize rough dwarf disease in elite maize (*Zea mays* L.) inbred lines. *Euphytica*, 203(1):109–120. <https://doi.org/10.1007/s10681-014-1277-z>.
- Nelson, R., T. Wiesner-Hanks, R. Wisser, P. Balint-Kurti. 2018. Navigating complexity to breed disease-resistant crops. *Nat. Rev. Genet.* 19:21–33. doi:10.1038/nrg.2017.82.
- Pritchard, J.K., Stephens, M., Donnelly, P. (2000). Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics*, 155(2):945–959. <https://doi.org/10.1111/j.14718286.2007.01758.x>.
- R Core Team. 2019. R: A language and environment for statistical computing. R Found. Stat. Comput., Vienna.
- Redinbaugh, M.G., R.C. Pratt. (2009). Virus resistance. In: J.L. Bennetzen and S.C. Hake, editors, *Handbook of maize: Its biology*. Springer, New York. p. 251–270. doi:10.1007/9780-387-79418-1\_13.
- Wu, Y., San Vicente, F., Huang, K., Dhliwayo, T., Costich, D.E., Semagn, K., Sudha, N., Olsen, M., Prasanna, B., Zhang, X., Babu, R. (2016). Molecular characterization of CIMMYT maize inbred lines with genotyping-by-sequencing SNPs. *Theoretical and Applied Genetics*, 129(4):753–765. <https://doi.org/10.1007/s00122-016-2664-8>.

## AFM y MLG para el estudio de la migración reproductiva de salmónidos en relación con variables ambientales

LAFFITTE, Lorena<sup>(1,2)</sup>; BRAMARDI, Sergio<sup>(3)</sup>

<sup>(1)</sup> Subsecretaría de Ambiente, Provincia del Neuquén, Argentina

<sup>(2)</sup> Asentamiento Universitario San Martín de los Andes, UNComahue, Argentina

<sup>(3)</sup> Departamento de Estadística, Universidad Nacional del Comahue, Argentina

laffittesmandes@gmail.com

**Palabras Clave:** Conteo. Peces. Análisis Multivariado. Distribución Poisson.

### Resumen

Las condiciones del agua en ríos y lagos son con frecuencia altamente variables en tiempo y espacio. El comportamiento de los peces es particularmente influido por factores como caudal, temperatura y calidad del agua, y puede variar con los cambios en las condiciones ambientales. Generalmente se acuerda que las migraciones son movimientos sincronizados de las especies que están altamente relacionados al área de hogar promedio y ocurren en estadios específicos del ciclo de vida. Se reconocen tres tipos de migraciones: la gamética (para reproducción), la alimenticia (para encontrar comida o agua), y la climática o de refugio (para encontrar condiciones de vida más apropiadas). Anualmente al comenzar el otoño en el hemisferio sur, las especies de salmónidos de agua dulce que viven en lagos y embalses comienzan su migración reproductiva y remontan los ríos o arroyos donde nacieron. Particularmente en la cuenca del lago Lacar (Provincia del Neuquén, Patagonia, Argentina) el principal desovadero, tanto para trucha marrón (*Salmo trutta*, Linnaeus) como para trucha arco iris (*Oncorhynchus mykiss*, Walbaum), es el arroyo Pocahullo. Con el objetivo de estudiar las condiciones del ambiente que caracterizan la migración reproductiva de salmónidos, entre los años 2001 a 2005, en una trampa de peces, se contabilizó la totalidad de individuos que ingresan al arroyo por semana, clasificándolos por especie y sexo. Además se registraron siete covariables cuantitativas continuas asociadas con el clima: Temperatura del agua (°C), Temperatura externa (°C), Velocidad del viento (km/h), Viento máximo, Presión atmosférica (bar), Altura del lago Lacar (msnm) y Lluvia (mm). Un estudio descriptivo a través de Análisis Factorial Múltiple (AFM) permitió visualizar la magnitud del efecto de los factores y covariables estudiados que luego fueron corroborados a través de un Modelo Lineal Generalizado (MLG). La especie resultó ser la principal fuente de variación en el conteo de individuos, seguida del nivel del lago.

## **Aplicación de Metodología Estadística Multivariada en datos de Anamnesis Alimentaria en barrios de la ciudad de Mar del Plata, Buenos Aires**

NATAL M.<sup>1-2</sup>, PATAT M.L.<sup>1-2</sup>, CHAPARRO M.<sup>1-2-3</sup>, RAMIREZ, G.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Depto Matemática, FCEy N, UNMDP

<sup>2</sup> Centro Marplatense de Investigaciones matemáticas (CEMIM), Centro Asociado CIC

<sup>3</sup> Investigador Asistente, CONICET

mnatal@mdp.edu.ar

**Palabras Clave:** correspondencias múltiples- cluster – hábitos alimentarios.

### **Resumen**

Debe La Secretaría de Salud del Partido de General Pueyrredón, implementó el programa “Esquinas Saludables” en la ciudad de Mar del Plata. El dispositivo recorrió 124 barrios y recolectó 14.414 entrevistas con información concerniente al riesgo cardiovascular y a los hábitos alimentarios de las personas que se acercaron voluntariamente. A partir del análisis estadístico se observó que en los barrios más alejados de la ciudad los hábitos alimentarios no se corresponden con los saludables. Estos resultados generaron la motivación para realizar un estudio estadístico con datos generados a partir de un diseño de muestreo sobre los hábitos alimentarios y la relación con la disponibilidad de alimentos saludables en la zona.

Se decidió trabajar sobre seis barrios de la ciudad en los cuales se implementó un diseño de muestreo para realizar una encuesta, generada en forma interdisciplinaria, con el objetivo de relevar datos sobre hábitos alimentarios. Se obtuvo una base de datos con 121 individuos y 26 variables. Se utilizó el análisis de correspondencias múltiples para analizar la relación entre las variables categóricas registradas en las encuestas. Posteriormente, sobre los ejes definidos por dicha técnica, se realizó un análisis de conglomerados. La utilidad de este método estadístico permite detectar características propias en cada barrio para la posterior toma de decisiones por parte de los profesionales de la Salud de la Municipalidad de General Pueyrredón. Se determinaron tres grupos diferenciados en cuanto al consumo de frituras, bebidas azucaradas, alcohol y fiambres, entre otras. Paralelamente se censaron los tipos de negocios con venta de productos alimenticios en la zona estudiada y se efectuó un análisis descriptivo. Es de destacar la prevalencia de despensas como así también la ausencia de pescaderías, alarmante siendo Mar del Plata una ciudad portuaria.

## Aplicación de métodos de tres vías en caracteres sensoriales de vinos no tradicionales de la Norpatagonia

Ichiyama B., Salazar N., Ibañez A. y Tassile V.  
Universidad Nacional del Comahue, Argentina

bichiyama@gmail.com

**Palabras Clave:** Sensometría, Factorial Múltiple, Procrustes Generalizado

### Resumen

Actualmente el negocio argentino de vinos se basa principalmente en la producción de variedades con cultivares emblemáticos como Malbec, Torrontés y otras cepas de alta calidad. Sin embargo, en los últimos años ha crecido la demanda por parte de consumidores interesados en nuevos vinos variedades que buscan diferentes sabores, texturas y aromas. Por lo que es de primordial interés considerar la factibilidad del desarrollo de los mismos en la zona, analizando entre otros aspectos, el efecto de las condiciones agroclimáticas sobre la estabilidad de las características sensoriales. En el presente trabajo se analizaron y compararon las técnicas de Análisis Factorial Múltiple (AFM) y Análisis de Procrustes Generalizado (APG) aplicadas al tratamiento de datos de tres modos. Se consideraron como individuos a los vinos provenientes de 8 variedades no tradicionales cultivadas en la EE Alto Valle del INTA, como variables cuantitativas a 14 características sensoriales obtenidas del promedio de un panel entrenado de 8 personas, y como tercer modo a tres temporadas consecutivas de cosecha. Los resultados obtenidos permitieron identificar variedades y caracteres estables a lo largo de las temporadas consideradas como son las variedades Caladoc y Tannat y los caracteres sensoriales Bayas y Cuerpo. La configuración obtenida para las dos primeras componentes del plano factorial representaron el 51.05% de la variabilidad total. Los valores obtenidos del coeficiente  $R_V$  de Escoufier indicaron que existen características comunes entre las tres temporadas y algunas diferencias debido a interacciones presentes con las mismas. Por otra parte, observando el plano principal, un valor de 0.82 del coeficiente de correlación entre las matrices de distancias entre variedades, indicó una importante similitud de las dos configuraciones consenso obtenidas.

## Caracterización de sitios según la calidad del agua en el curso superior del río Negro, Argentina

Arenas, L.<sup>1</sup>; Basanta Fernandez, M.<sup>1</sup>; Sabino, G.<sup>1</sup>

1. Facultad de Economía y Administración, Universidad Nacional del Comahue, Santa Fe 1400, Neuquén, Argentina.  
luis.arenas@faea.uncoma.edu.ar

**Palabras Clave: análisis factorial múltiple, calidad del agua, contaminación de ríos**

### Resumen

En el Alto Valle de Río Negro (Argentina), el río homónimo, suele ser receptor de múltiples efluentes provenientes de los canales de riego y drenaje. Este sistema de canales del Alto Valle tiene diversos problemas de filtraciones y ascenso de la capa freática, vertido de efluentes cloacales, de sustancias industriales y de basura, proveniente de las poblaciones vecinas y de asentamientos humanos en el espacio rural.

En el presente trabajo se estudiaron muestras de agua del río Negro obtenidas en diversos sitios del río y desembocaduras de canales a lo largo de aproximadamente 40km desde el nacimiento del río. En cada muestra se midieron variables cuantitativas físico-químicas y una variable cuantitativa indicadora de la contaminación fecal. Las muestras fueron recogidas en 2012 realizando campañas los meses de mayo, agosto y noviembre con los canales de riego en funcionamiento.

El objetivo de este trabajo es obtener una tipología de los sitios en cuanto a las condiciones de la calidad del agua y determinar si la estructura se modifica a lo largo de los meses muestreados. En el análisis estadístico se utilizó Análisis Factorial Múltiple el cual se aplicó sobre la tabla de datos general de las tres campañas.

Los resultados revelaron que las campañas de mayo y agosto son similares, diferenciándose noviembre debido a las variables temperatura del agua, turbidez y potencial de óxido-reducción. Se encontró también que tanto los sitios en río, como los sitios en canales tienden a agruparse entre sí en todas las campañas. Los primeros, asociados a valores altos de oxígeno disuelto que implica mejor calidad de agua y los segundos a valores altos de nitrógeno amoniacal y fósforo total, indicadores de contaminación peligrosa.

# Comparación entre Análisis Canónico de Correspondencias y Análisis Factorial Múltiple en datos de conjuntos múltiples

Zuliani Roxanna (1), Laffitte Lorena (1,2), Muñiz Saavedra Julieta (2) y Lavalle Andrea (1)

(1) Departamento de Estadística Universidad Nacional del Comahue. Neuquén. Argentina.

(2) Dirección General de Biología Acuática. Subsecretaría de Ambiente. Neuquén. Argentina

matiroc@live.com.ar

**Palabras Clave:** Análisis de componentes principales ponderado. Análisis a tres vías. Caracterización de agua.

## Resumen

Existen diversos métodos de análisis multivariado que permiten estudiar la relación entre una tabla de frecuencias y otra de variables continuas, medidas sobre el mismo conjunto de individuos. En este trabajo se analizan comparativamente el Análisis Canónico de Correspondencias y el Análisis Factorial Múltiple. En el primero las frecuencias se consideran variables de respuesta y las variables continuas se consideran explicativas. Es decir, se plantea un rol no simétrico de las tablas y se trata de establecer relaciones de dependencia. En el Análisis Factorial Múltiple, las tablas juegan un rol simétrico y el objetivo es caracterizar el conjunto de individuos a través de todas las variables estudiadas y buscar relaciones entre ambos grupos de variables. Como características comunes a ambos métodos, se pueden destacar que ambos métodos utilizan en un ACP ponderado, y que ambos realizan una etapa de análisis separado de cada tabla. Como diferencias entre ambos métodos, además de los objetivos señalados, se señala la ponderación de las variables, las distancias entre filas y entre columnas, las interpretaciones gráficas. Se presentan las semejanzas y diferencias entre ambos métodos y se muestran los resultados de su aplicación a un conjunto de datos de sitios de muestreo de aguas caracterizados por variables fisicoquímicas y frecuencias de macroinvertebrados.

## Datos composicionales aplicados al estudio de fracciones de fósforo, en dos regiones de distinta geomorfología

BELMONTE V.<sup>1</sup>, ALVAREZ M.L.<sup>1,2</sup>, GILI A.<sup>1</sup> y NOELLEMEYER E.<sup>1</sup>

<sup>1</sup> *Fac.de Agronomía, UNLPam*

<sup>2</sup> *CONICET*

vabelmonte@yahoo.com.ar

### Resumen

En la región oriental de La Pampa, se encuentran ubicadas las subregiones de planicie con tosca (PT) y planicie medanosa (PM). Los cambios en el uso del suelo y la topografía de la región podrían ser factores que modifiquen la dinámica del fósforo (P). El fraccionamiento secuencial es una herramienta para entender la dinámica entre los distintos “pooles” de P e identificar los principales factores que afectan su biodisponibilidad según el ambiente. Para cada subregión se consideró un diseño factorial con dos factores: sitios de manejo (agrícola y natural), y tres posiciones en el relieve (loma, media loma y bajo). Se tomaron dos muestras a la profundidad de 0-20 cm, y se utilizó el fraccionamiento secuencial de Hedley, determinándose las siguientes fracciones: P en solución ( $P_{disp}$ ); P labil ( $P_{labil}$ ), P menos biodisponible, ligado a Fe y Al ( $P_{Fe/Al}$ ), el P ligado a Ca ( $P_{Ca}$ ) y el P residual, considerado como la fracción más estable ( $P_{est}$ ). Cada muestra constituye un dato composicional.

En cada suelo, se utilizó la técnica de Análisis de distancias sobre los datos clr-transformados y se realizó Biplot para datos composicionales para entender el comportamiento de las fracciones. Las transformaciones y los Biplots se realizaron con el programa CoDaPack. El análisis de distancia con PERMANOVA.

En ambos suelos se determinó un efecto de interacción entre manejo y posición del relieve sobre las fracciones de P. En el sitio agrícola, para las dos subregiones las fracciones de P en loma difieren de las demás. En PT para la condición natural loma difiere de media loma. En PM, bajo condición natural difieren en todas las posiciones del relieve. En PT los mayores cambios se producen entre las fracciones  $P_{disp}$  y  $P_{Ca}$ , mientras que en PM entre  $P_{disp}$  y  $P_{Fe/Al}$ .

**Palabras Clave:** fósforo, clr-transformaciones, Análisis de Distancias, Biplot Composicional, PERMANOVA

## MEDIDA DE LA EXPANSIÓN DE UNA DISTANCIA AL ACERCARSE AL VÉRTICE EN UN ANÁLISIS COMPOSICIONAL

Camina Ricardo, Nélica Winzer Departamento de Matemática, Universidad Nacional del Sur (UNS) , Bahía Blanca, Argentina.

[nwinzer@criba.edu.ar](mailto:nwinzer@criba.edu.ar)

Palabras clave: Análisis composicional - distancias - dominancia

### Resumen

Se parte de un trabajo sobre el comportamiento de índices de asociación y distancias, teniendo en cuenta la diversidad de las muestras, dentro de un análisis composicional (Winzer,1999).

Se presenta una medida de la expansión o contracción de las distancias entre 2 composiciones, según su cercanía a los vértices del Simplex.

Se considera, inicialmente, un par de vectores de tamaño "k", donde el máximo valor en cada uno es " $p+d/2$ " y " $p-d/2$ "; siendo el resto de la composición equidistribuida.

Entre estos vectores, se calculan las diferentes distancias en estudio en función de "p", desde " $1/2$ " hasta cerca de "1" (rango donde el comportamiento de éstas es monótono).

El cociente entre los valores obtenidos en "p" y en " $1/2$ ", da una idea del grado de expansión ( $>1$ ) o contracción ( $<1$ ), independientemente de la escala. Para simetrizar la medida basta aplicar logaritmo.

El valor definitivo que se propone (E), surge de hacer tender "k" a "infinito" y "d" a "cero". Como no siempre se puede obtener una expresión para "p" tendiendo a "1" (vértice del Simplex), se sugiere  $p = 0.99$ .

Se presentan resultados de aplicar Coordenadas Principales a 3 matrices de distancia entre 13 localidades del sudoeste de la Provincia de Buenos Aires, según la composición polínica de sus mieles (donde el eucalipto es el componente mayoritario).

La primera distancia fue elegida por su alta expansión ( $E \gg 0$ ), la segunda es invariante ( $E = 0$ ), y la última tiene un valor de  $E < 0$ .

# Técnicas duales para análisis de datos de conjuntos múltiples con estructura de partición del conjunto de individuos

Lisandro Curia (1), Mónica Pérez (1), Andrea Lavalle (2)

(1) Departamento de Matemática. Universidad Nacional del Comahue. Argentina

(2) Departamento de Estadística. Universidad Nacional del Comahue. Argentina

lisandro.curia@faea.uncoma.edu.ar

**Palabras Clave: Statis Dual. Análisis Factorial Múltiple Dual. Comparación. Grupos de individuos**

## Resumen

En los casos en que diversos conjuntos de individuos son analizados a través de un único conjunto de variables, se cuenta con datos de conjuntos múltiples. Una solución para el estudio de estos conjuntos consiste en considerar la tabla de datos completa y en analizar sus correlaciones basadas en todos los individuos. Sin embargo, estas correlaciones no son necesariamente las mismas de un grupo de individuos a otro y surge el problema de estudiar las correlaciones inducidas por cada grupo. Esto implica el estudio de las nubes de variables definidas por cada grupo de individuos para luego comparar estos diversos gráficos de dispersión y analizar la evolución de cada variable a través de los grupos de individuos, es decir, la evolución de sus coeficientes de correlación con las otras variables (de un grupo de individuos al otro). Este tipo de estructuras de datos puede analizarse mediante los enfoques duales de los métodos clásicos, en particular, el Análisis Factorial Múltiple Dual y el método STATIS Dual. En este trabajo se presenta una comparación entre ambos métodos desde la perspectiva de sus fundamentos matemáticos y la discusión de ejemplos de aplicación. Se destaca la diferente forma de construcción del compromiso en cuanto a la ponderación utilizada por cada método y la obtención de las trayectorias de las variables.

## Valoración de los consumidores de una papa fresca con calidad diferenciada<sup>1</sup>

RODRIGUEZ J., LUPÍN B.

Grupo de Investigación Economía Agraria, FCEyS-UNMDP; Mar del Plata-Argentina

jarodriguez@mdp.edu.ar; beatrizlupin@gmail.com

**Palabras clave:** Análisis Multivariado – Subasta Experimental – Atributos de calidad – Alimentos – Consumo

### Resumen

En nuestro país, la comercialización interna de papa para consumo en fresco se encuentra atravesada por el desconocimiento de los consumidores. Por otra parte, la producción se caracteriza por elevados costos y por precios de venta que, frecuentemente, no cubren los mismos. Dicho panorama, señala la necesidad de reorientar estrategias comerciales y de explorar alternativas productivas, lo que será posible si se considera al nuevo consumidor. El objetivo principal del trabajo es detectar y caracterizar consumidores que valoran y están dispuestos a pagar un adicional por una papa con calidad diferenciada.

Se desarrolló una Subasta Experimental Segundo Precio de Vickrey, en abril de 2017. La muestra, con representatividad demográfica y socioeconómica, estuvo conformada por 155 estudiantes y personal de la FCEyS-UNMDP. Frente a diversos estímulos, los participantes apostaron por dos variedades: Spunta –convencional– y Frital INTA –con menor contenido de agroquímicos– y respondieron una encuesta complementaria.

A los datos, se les aplicó un Análisis de Correspondencias Múltiples (InfoStat®). Los tres primeros ejes acumulan el 51,64% de la inercia total y revelan la separación de los participantes según estén o no dispuestos a pagar más por una papa producida con compromiso ambiental. También, se distingue un patrón de asociación entre los que están dispuestos a pagar y el sexo femenino, la preferencia por un sello que garantice el menor contenido de agroquímicos e información sobre la composición nutricional, la predilección por informarse acerca de la papa a través de la Internet y/o de la televisión, el consumo de verduras producidas sustentablemente y la opinión de que debe existir un organismo estatal que controle la calidad de los alimentos y que consumir papas es relevante para seguir una dieta saludable.

Para precisar resultados, se prevé extender el estudio a la población local, probando variantes al experimento realizado y estimando modelos econométricos.

---

<sup>1</sup>Este trabajo se basa en la tesis para acceder al grado de Magister en Agroeconomía (FCA-UNMDP) de la CP Julieta Rodríguez, bajo la dirección de la Lic. (MSc.) Elsa M. Rodríguez (UNMDP) y el Ing. Agr. (MSc.) Juan Carlos Manchado (UNMDP, EEA-INTA Balcarce) y el asesoramiento estadístico de la Lic. Beatriz Lupín (UNMDP), defendida en diciembre 2018.