

Citogenética comparativa de *Physalis peruviana* en tres poblaciones cultivadas de Cajamarca, Perú

Comparative cytogenetics of *Physalis peruviana* from three cultivated populations from Cajamarca, Peru

Yajahaira Carbajal

<https://orcid.org/0000-0003-2903-3909>
nevenka.cg36@gmail.com

Henry Bonilla

<https://orcid.org/0000-0002-0595-2671>
hnr109@gmail.com

María Siles-Vallejos *

<https://orcid.org/0000-0003-4956-8310>
msilesv@unmsm.edu.pe

Alberto López

<http://orcid.org/0000-0001-6070-5836>
alopez@unmsm.edu.pe

*Corresponding author

Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Facultad de Ciencias Biológicas, Grupo de Investigación en Recursos Genéticos, Lima, Perú.

Citación

Carbajal Y, Bonilla H, Siles-Vallejos M, López A. 2021. Citogenética comparativa de *Physalis peruviana* en tres poblaciones cultivadas de Cajamarca, Perú. Revista peruana de biología 28(2): e20462 (Mayo 2021). doi: <http://dx.doi.org/10.15381/rpb.v28i2.20462>

Presentado: 26/08/2020

Aceptado: 12/03/2021

Publicado online: 25/05/2021

Editor: Monica Arakaki

Resumen

En este trabajo se caracteriza y compara citogenéticamente *Physalis peruviana* "aguaymanto" de poblaciones cultivadas de la región Cajamarca: San Pablo, Celendín y Cajabamba. El número cromosómico más frecuente en las tres poblaciones fue $2n = 4x = 48$ con frecuencias de 60, 50 y 34% en las poblaciones de San Pablo, Celendín y Cajabamba respectivamente. En menor frecuencia se encontró casos de aneuploidía somática. Los resultados permitieron distinguir cada población a partir de su fórmula cariotípica $17m+4sm+3t$, $24m$ y $20m+2sm+2t$ que identifican a San Pablo, Celendín y Cajabamba respectivamente. Los cariotipos fueron caracterizados por la longitud total del complemento haploide (HCL) y los índices de simetría (S%), asimetría (A) y asimetría intra e intercromosómica (A1 y A2). El mayor valor de HCL se describió en San Pablo. Celendín presentó el mayor grado de simetría (S%= 53.226 y A= 0.177), mientras que los cariotipos de San Pablo y Cajabamba fueron descritos como los más asimétricos. Se concluye que la condición más frecuente es la tetraploidía; aunque se evidencia diferente morfología cromosómica entre los cariotipos de las tres poblaciones.

Abstract

In this work, we characterized cytogenetically *Physalis peruviana* "aguaymanto" and cultivated populations of the Cajamarca region: San Pablo, Celendín and Cajabamba are compared. The most frequent chromosomal number in the three populations was $2n = 4x = 48$ with frequencies of 60, 50 and 34% in San Pablo, Celendín and Cajabamba respectively. Few cases of somatic aneuploidy were found. Our results let distinguish the populations by its karyotypic formula $17m + 4sm + 3t$, $24m$ and $20m + 2sm + 2t$ (San Pablo, Celendín and Cajabamba respectively). Karyotypes were characterized by the total length of the haploid complement (HCL) and the indices of symmetry (S%), asymmetry (A) and intra and interchromosomal asymmetry (A1 and A2). The highest value of HCL was described in San Pablo. Celendín presented the highest degree of symmetry (S% = 53.226 and A = 0.177), while the karyotypes of San Pablo and Cajabamba were described as the most asymmetric. We concluded that the tetraploidy is most frequent condition; although there is evidence of different chromosomal morphology between the three populations.

Palabras clave

Physalis peruviana; Aguaymanto; número cromosómico; morfología cromosómica; ploidía; aneuploidía somática.

Keywords

Physalis peruviana; Aguaymanto; chromosome number; chromosomal morphology; ploidy; somatic aneuploidy.

Introducción

Physalis peruviana L. (Solanaceae) conocida en Perú como "aguaymanto", crece principalmente en regiones andinas (Puente et al. 2011). Históricamente fue introducida en Sudáfrica provocando su expansión a países del trópico y sub-trópico, donde actualmente es cultivada con fines comerciales (Mazorra et al. 2006). Debido a su amplia distribución y a las diversas condiciones geográficas, *P. peruviana* ha sido agrupada en ecotipos según descriptores de fruto como color, forma y sabor o descriptores de la planta como hábito y altura. Colombia, Sudáfrica y Kenia son los ecotipos comerciales más conocidos en la actualidad, todos ellos cultivados en Colombia (Fischer 2005).

La distribución de *P. peruviana* en Perú ha sido reportada en la región Yunga y Quechua (2000 y 2500 m de altitud), principalmente en las zonas andinas de las regiones Ancash, Arequipa, Ayacucho, Cajamarca, Cusco, Huánuco y Junín (Dostert et al. 2012, Tapia & Fries 2007). Su amplia distribución y su capacidad de adaptación, además del corto proceso de domesticación, han fomentado variaciones de color, tamaño y sabor entre los frutos que, sumado a la falta de conocimiento sobre la diversidad genética de *P. peruviana*, afecta a la cadena productora y exportadora de este recurso, por lo cual la caracterización genética del fruto se hace necesaria.

El número cromosómico de *P. peruviana* ha sido reportado en diferentes poblaciones. Inicialmente Menzel (1951), describió especies del género *Physalis* con 24 y 48 cromosomas, concluyendo que el número básico del género es $x = 12$. Rodríguez y Bueno (2006) en Colombia reportaron $2n = 3x = 24$ y $2n = 4x = 32$ cromosomas para el ecotipo Colombia; mientras que para el ecotipo Kenia $2n = 48$ cromosomas; además, describieron una correlación directa entre los números cromosómicos y descriptores morfométricos de hoja y fruto. Posteriormente, Sánchez (2014) analizó genotipos colombianos reportando variación de números cromosómicos tales como $2n = 4x = 48, 32$ y mixoploides.

Considerando la variación de números cromosómicos descrita por diversos autores, en el presente trabajo se describe y compara citogenéticamente tres poblaciones cultivadas de *P. peruviana* de la región Cajamarca: San Pablo, Celendín y Cajabamba, empleando técnicas de citogenética clásica. Esta caracterización citogenética contribuirá al conocimiento de la diversidad biológica proporcionando información base para futuros trabajos de caracterización del germoplasma con fines de conservación y mejoramiento genético.

Material y métodos

Material biológico.- La colecta de frutos de *P. peruviana* se realizó en colaboración con la empresa AgroAndino Perú en la provincia de San Pablo, con la asociación AZ ingenieros EIRL en la provincia de Celendín y con el Ing. Lenin Abanto en la provincia Cajabamba (Tabla 1).

Durante la colecta fueron realizadas algunas observaciones en campo, en relación con el hábito de las plantas y el manejo agronómico:

- San Pablo: Plantas de aguaymanto obtenidas por selección masal. Plantas en promedio de 1.50 m (la mayor de las tres poblaciones) y de tipo semi-erecto. Manejo agronómico tecnificado con plantación lineal, control de tutoreo y poda.
- Celendín: Plantas de tamaño mediano y del tipo semi-erecto. Las plantas en la fase final de producción presentaban plagas y algunos casos de infección por hongos. Fue observado el uso de tutores para el crecimiento de las plantas.
- Cajabamba: Plantas de menor tamaño, aproximadamente 50 cm, de tipo semirrastrero. Las plantas estaban en proceso de fructificación. Sin manejo agronómico tecnificado, pero sí una notoria presencia de polinizadores e insectos herbívoros.

Tabla 1. Ubicación de las localidades de colecta de *Physalis peruviana*.

Ubicación		Altura (m)	Coordenadas	
Provincia	Distrito		Latitud S	Longitud W
San Pablo	Tumbadén	2662	7° 5'43.9"	78° 49'13.9"
Celendín	Caserío de Sta. Rosa	2620	6°52'35.9"	78° 07'49"
Cajabamba	Malcas	2058	7° 29'55.1"	78°07'55.2"

En cada campo de cultivo se realizó un muestreo aleatorio de 10 plantas, colectándose 10 frutos por planta. La elección de los frutos se hizo según la escala de maduración de la Norma Técnica Colombiana (NTC 4580) para *P. peruviana*. En total fueron colectados 100 frutos por población. En condiciones de laboratorio, fueron extraídas las semillas generándose un stock de 2000 semillas aproximadamente por población.

La identificación taxonómica de las muestras herborizadas fue realizada en el Herbario del Museo de Historia Natural de la Universidad Nacional Mayor de San Marcos (MHN-UNMSM).

Preparación de láminas.- Semillas de *P. peruviana* fueron colocadas en placas Petri conteniendo papel filtro humedecido con agua destilada y luego de cinco días se realizó la colecta de raíces de entre 1.5 mm a 2 mm. Las raíces fueron pre-tratadas con una solución de colchicina 0.25% y DMSO 2% (dimetil sulfóxido) por 1 hora y 20 minutos a temperatura ambiente (18° - 22° C) y en oscuridad. Para fijar el material se utilizó una solución de etanol: ácido acético (3:1), por un tiempo máximo de 24 horas a 4 °C. El meristemo radicular fue sometido a una hidrólisis ácida con HCl 5N por 10 minutos a 14500 rpm y posteriormente macerado con solución Targa a temperatura ambiente por 5 minutos. El montaje de las láminas se realizó empleando la técnica de squash con ácido acético 45% y coloración con orceína lacto acética 2%.

Análisis de placas metafásicas.- Por cada población fueron preparadas 100 láminas, de las cuales fueron seleccionadas 30 metafases para el conteo de número de

cromosomas por presentar una adecuada dispersión de los cromosomas. De este grupo, las 5 mejores metafases fueron consideradas para el análisis morfométrico y la elaboración del cariotipo. La captura de microfotografías se realizó empleando el software LAS EZ de Leica.

El análisis morfométrico de las microfotografías fue realizado en el software IdeoKar, desarrollado por Mirzaghaderi (2015). Este software proporciona parámetros como tipo de cromosoma, índice braquial o *arm ratio* (AR) y longitud total del complemento haploide (HCL) basándose en Levan et. al. (1964). Otros parámetros considerados son índice de asimetría intracromosómica (A_1) e intercromosómica (A_2) según Romero-Zarco (1986) y el índice de asimetría según Paszko (2006).

Resultados

Número cromosómico. - De un total de 30 metafases por población, el número cromosómico más frecuente en las tres poblaciones estudiadas es $2n = 4x = 48$. Concordando con lo descrito por Rodríguez & Bueno (2006), Sánchez (2014) y Liberato et al. (2014).

La población de San Pablo, $2n = 48$ presentó una frecuencia de 57% de las células analizadas. Otros números cromosómicos oscilan entre $2n = 44$ a $2n = 52$ y representan el 43%; evidenciando casos de aneuploidía somática (Tabla 2). Se observó un caso de una célula con 82 cromosomas, posiblemente consecuencia de la ausencia de citocinesis (Fig. 1).

Tabla 2. Frecuencia de números cromosómicos ($2n$) en 30 metafases de *Physalis peruviana* analizadas en la población de San Pablo.

N° cromosómico	Frecuencia
44	0.10
46	0.03
48	0.57
50	0.13
52	0.07
56	0.03
66	0.03
78	0.03

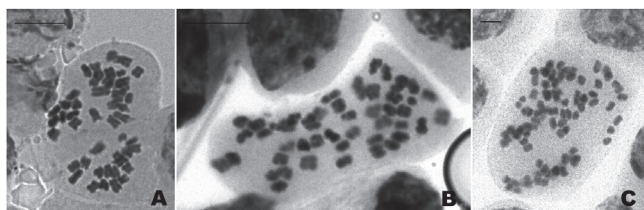


Figura 1. Metafases de *Physalis peruviana*, población San Pablo, evidenciando aneuploidía somática. A. Célula metafásica con $2n=44$ cromosomas, B. Célula con $2n=50$ cromosomas y C. célula conteniendo 82 cromosomas. Barra de escala: 5 μ m en A y B, 2 μ m en C.

En Celendín el número cromosómico fue $2n = 48$ y tuvo una frecuencia del 50%. Otros números cromosómicos también fueron registrados con una frecuencia menor ($2n = 24, 46, 50, 52$ y 54) (Tabla 3). Algunos de ellos también fueron reportados en la caracterización de San Pablo. Se observó el caso de una célula con 80 cromosomas (Fig. 2).

Tabla 3. Frecuencia de números cromosómicos ($2n$) en 30 metafases de *Physalis peruviana* analizadas en la población de Celendín.

N° cromosómico	Frecuencia
24	0.03
46	0.13
48	0.50
50	0.23
52	0.03
54	0.03
80	0.03

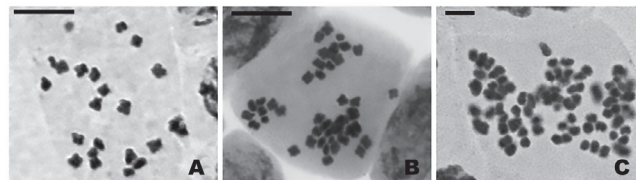


Figura 2. Metafases de *Physalis peruviana*, población Celendín, evidenciando aneuploidía somática. A. Célula metafásica con $2n = 24$, el menor número registrado. B. Célula con $2n = 46$ cromosomas y C. Célula conteniendo 80 cromosomas. Barra de escala: 5 μ m en A y B, 2 μ m en C.

Cajabamba, presentó $2n = 4x = 48$ como número cromosómico más frecuente, siendo observado en 34% del total de metafases analizadas (Fig. 3) (Tabla 4). Sin embargo, es una frecuencia menor a la observada en San Pablo y Celendín. Otros números cromosómicos registrados fueron $2n = 44, 50, 52$ y 54 , los cuales también fueron reportados en las otras dos poblaciones en estudio (Tabla 4).

Tabla 4. Frecuencia de números cromosómicos ($2n$) en 30 metafases de *Physalis peruviana* analizadas en la población de Cajabamba.

N° cromosómico	Frecuencia
44	0.14
46	0.28
48	0.34
50	0.10
52	0.03
54	0.07
62	0.03

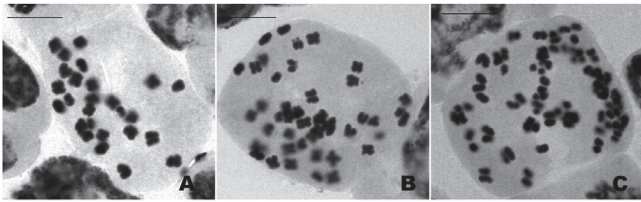


Figura 3. Metáfases de *Physalis peruviana*, población Cajabamba, evidenciando aneuploidía somática. A. Célula metafásica con $2n = 26$, el menor número registrado. B. Célula con $2n = 46$ cromosomas. C. Célula $2n = 62$ cromosomas. Barra de escala: $5\mu\text{m}$.

De esta manera, el número cromosómico con mayor presencia en las poblaciones descritas de *P. peruviana*, oscila entre $2n = 46$ a 52 cromosomas, siendo el número más frecuente $2n = 48$ (Fig. 4). La población Cajabamba, particularmente presenta números cromosómicos de 46 y 48 cromosomas con frecuencia.

Así mismo, los casos atípicos de número cromosómico como $2n = 62$ y $2n = 82$ con bajísima frecuencia permite suponer posibles errores durante la citocinesis.

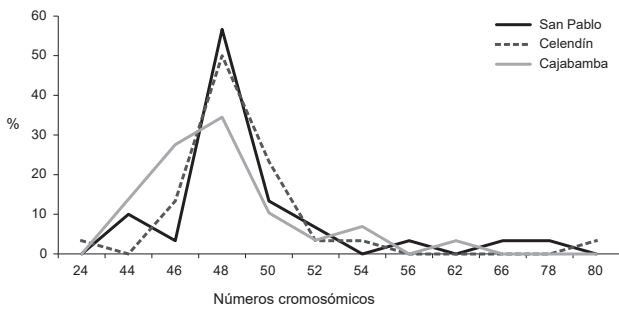


Figura 4. Frecuencia de los números cromosómicos encontrados en tres poblaciones de *Physalis peruviana*. Nótese que $2n = 48$, presenta un pico más elevado en todos los casos analizados.

Análisis morfológico de los cromosomas.- A pesar de que $2n = 48$ fue el número cromosómico con mayor frecuencia registrado en las tres poblaciones; no puede concluirse que es un caso de tetraploidía; por ello, en este caso, fue necesario determinar la composición de los cariotipos, por tinción convencional como orceína o por patrón de bandas con Giemsa o FISH.

La ordenación de los cromosomas para cada cariotipo fue realizada según Levan et al. (1964): a) orden decreciente de tamaño, b) incremento de índice braquial o *arm ratio* y c) tomando ambas opciones, dando prioridad al valor de *arm ratio* como primer factor de agrupamiento sobre el ordenamiento decreciente por tamaño (Figs. 5, 6, 7 y Tablas 6, 7, 8). De acuerdo con el índice braquial o *arm ratio* (r), que describe la posición del centrómero, se reporta la prevalencia de cromosomas metacéntricos en 16 de los 24 pares que conforman el cariotipo en las tres poblaciones.

Los cariotipos obtenidos muestran diferencias interpopulacionales en las fórmulas cariotípicas haploides de *P. peruviana*. El cariotipo de San Pablo registró la siguiente fórmula $17m+4sm+3t$, Celendín $24m$ y Cajabamba $20m+2sm+2t$; donde m : metacéntrico, sm : submetacéntrico y t : telocéntrico (Figs. 5, 6, 7). A su vez, las diferencias interpopulacionales observadas dentro de la misma especie, se relacionan directamente con la diferente localización geográfica de cada población (Tabla 5).

La caracterización morfológica de cada par de homólogos permitió la elaboración de cariotipos para cada población; los cuales fueron caracterizados a partir de cinco variables cuantitativas mostradas en la Tabla 9. De esta forma, la longitud total del complemento haploide (HCL) mayor fue descrita en el cariotipo de San Pablo con un valor de $24.593\ \mu\text{m}$. El cariotipo más simétrico fue el de Celendín con valores de $S\% = 53.226$ y $A = 0.17$; en cuanto que San Pablo y Cajabamba fueron descritos como asimétricos por sus valores de asimetría intra e intercromosómica ($A1$ y $A2$).

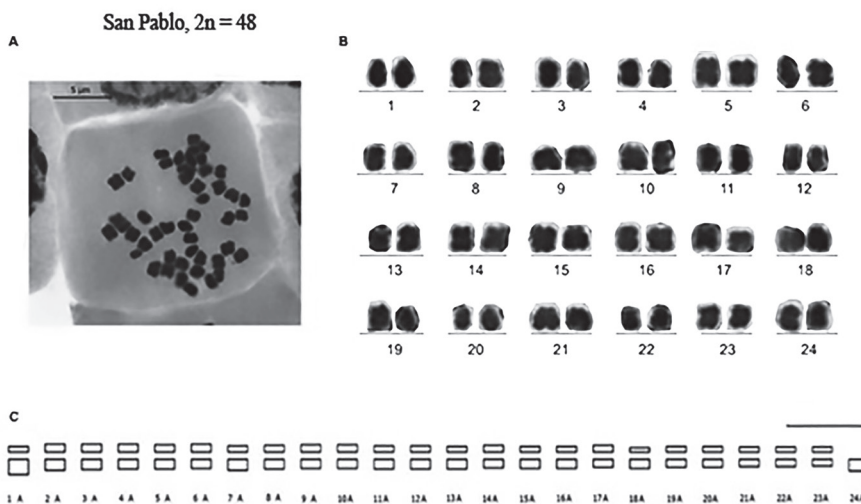


Figura 5. A. Metáfase de *Physalis peruviana*, población San Pablo. B. Cariograma ordenado según el valor del índice braquial (r) y en orden decreciente de tamaño. C. Idiograma.

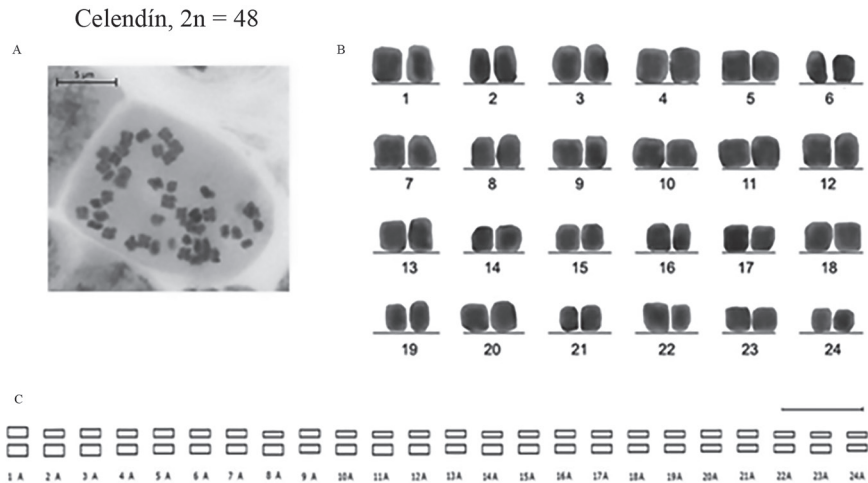


Figura 6. A. Metáfase de *Physalis peruviana*, población Celendín, B. Cariograma ordenado según el valor del índice braquial (r) y en orden decreciente de tamaño, C. Idiograma.

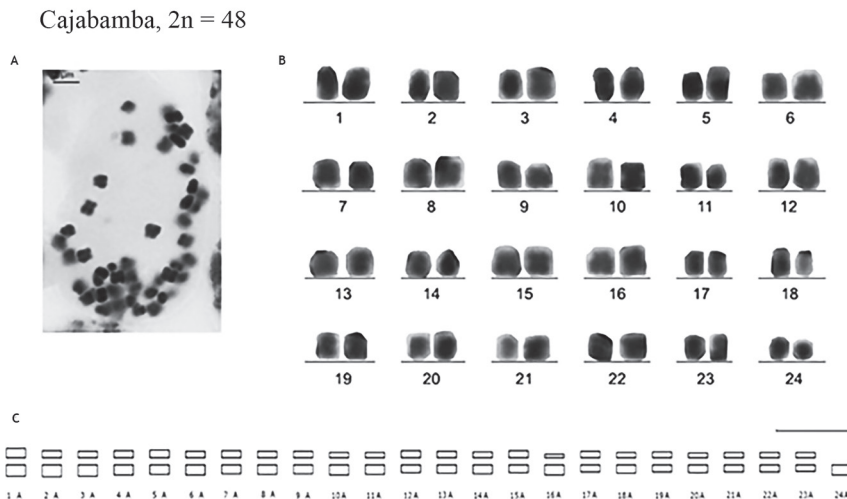


Figura 7. A. Metáfase de *Physalis peruviana*, población Cajabamba, B. Cariograma ordenado según el valor del índice braquial (r) y en orden decreciente de tamaño, C. Idiograma.

Los resultados cuantitativos del cariotipo corroboran lo que se obtuvo en el análisis morfológico de cada par cromosómico. Por lo cual, la simetría de Celendín se correlaciona con la fórmula cariotípica de 24 cromosomas metacéntricos; mientras que la asimetría de San Pablo y Cajabamba se explica por los diversos tipos de cromosomas presentes en sus respectivos cariotipos: metacéntricos, submetacéntricos y telocéntricos (Figs. 5, 6 y 7).

Discusión

Número cromosómico.- El número cromosómico diploide $2n = 48$, registrado como el más frecuente en las poblaciones de San Pablo, Celendín y Cajabamba, coincide con el número cromosómico esperado según trabajos anteriores que describen citogenéticamente a *P. peruviana* (Menzel 1951; Badr et al. 1997; Rodríguez & Bueno 2006; Liberato et al. 2014, Sánchez 2014).

Sin embargo, Rodríguez y Bueno (2006), Liberato et al. (2014) y Sánchez (2014), reportaron ecotipos colombianos de *P. peruviana* con $2n = 24$ y $2n = 32$; Menzel (1951) realizó una revisión en base a 25 especies del género *Physalis*, reportando que la mayoría de ellas presenta $2n = 24$ cromosomas y sólo *P. angulata*, *P. minima* y *P. peruviana* presentan $2n = 48$ cromosomas.

Estas variaciones numéricas se atribuyen a rearrreglos cromosómicos como aneuploidías e inversiones, propios de cada población (Rodríguez & Bueno 2006); o también a eventos de autoploidía o anfiploidía (Menzel 1951). Al respecto, Badr et al. (1997) estudiando varios géneros de la familia Solanaceae encontró que la mayor parte de los géneros descritos, entre ellos el género *Physalis*, presentaba $x = 12$ como número básico de cromosomas. Otros géneros presentaron números básicos menores como *Petunia* $x = 7$ y *Nicotiana* $x = 9$ a 11. Por tanto, el autor sostiene que la evolución cromosómica de las an-

giospermas, en general, fue dirigida por ciclos de aneuploidías y poliploidización. Así mismo, Stebbins (1971) propuso un sistema similar de evolución del número básico, considerando $x=12$ como el número básico con mayor frecuencia entre las plantas superiores, el cual podría haberse originado por eventos de poliploidía y aneuploidía a partir de números básicos menores como 7 u 8. Por otro lado, herramientas modernas como bioinformática corroboraron que el género *Physalis* pertenece a un clado monofilético, con número básico $x=12$, conformado también por la tribu *Anthocercidae* y los géneros *Nicotiana* y *Solanum* (Ferreira de Melo 2009).

Considerando entonces $x=12$ como el número básico del género *Physalis*, en este trabajo se asume que el número cromosómico $2n=48$ observado en las tres poblaciones de *P. peruviana*, sería el resultado de un proceso de poliploidización que alcanzó el nivel de tetraploidía $2n=4x=48$.

Además, en el presente trabajo fueron reportados números cromosómicos diferentes de $2n=48$ con frecuencias menores al 30%. La mayor frecuencia de variaciones numéricas fue observada en Cajabamba, seguido por Celendín y San Pablo. Si bien estas variaciones no son múltiplos del número base $x=12$, algunos casos han sido reportados en trabajos anteriores. Por ejemplo, Lagos (2006) caracterizó células de meristemo radicular de *P. peruviana* con 24, 32, 36, 48, 52 y 54 cromosomas; sin reporte de frecuencias. Una de las principales causas de variaciones numéricas en células somáticas es la aneuploidía, que se refiere a la ganancia o pérdida de uno o más cromosomas, siendo más frecuente en plantas poliploides cultivadas y en tejidos no diferenciados (De Storme & Mason 2014). Otro factor que puede conducir a la variación de números cromosómicos es la aneusomatía –aunque poco común en angiospermas– que se refiere al aumento de cromosomas (supernumerarios) que aparezcan con el completo A y no con el complemento B, causado por una no disyunción de los cromosomas durante la mitosis (Greilhuber & Weber 1975).

Morfología cromosómica. La construcción de un cariotipo tetraploide se basa en el ordenamiento de grupos de homólogos conformados por cuatro cromosomas con similar morfología, tamaño y estructura. En el presente trabajo, a pesar de que las tres poblaciones analizadas fueron descritas numéricamente como tetraploides $2n=4x=48$ cromosomas, en ninguno de los casos fue posible elaborar cariotipos tetraploides. Eso debido a que los resultados de morfología y tamaño de los cromosomas - obtenidos por tinción convencional- evidencian que no es posible la formación de cuartetos cromosómicos similares, principalmente en San Pablo y Cajabamba porque el número y tamaño de cromosomas telocéntricos dificultó su agrupamiento. De la misma forma Rodríguez y Bueno (2006) y Liberato et al. (2014), elaboraron cariotipos para los ecotipos colombianos de *P. peruviana* basados en pares de homólogos, ellos señalan que para un agrupamiento de homólogos más detallado es preciso ampliar la descripción cromosómica a nivel estructural empleando técnicas de

bandeo cromosómico (como bandas C) o por marcación con fluorocromos como (DAPI o CMA₃).

La descripción morfológica de los cromosomas de *Physalis peruviana* es escasa. Rodríguez y Bueno (2006), describieron cromosomas acrocéntricos en ecotipos colombianos silvestres ($4m+6sm+2acr$), y cultivados (Colombia $5m+8sm+3acr$ y Kenia $12m+9sm+3acr$). Estos resultados concuerdan con los nuestros en la presencia de cromosomas bibráquiales (cromosomas con brazo corto (c) y brazo largo (l)) principalmente los metacéntricos y submetacéntricos; mientras que la diferencia más notoria es la ausencia de cromosomas acrocéntricos en las fórmulas cariotípicas de las tres poblaciones estudiadas. En su lugar, fueron reportados cromosomas telocéntricos en las poblaciones de San Pablo y Cajabamba.

Por otro lado, Liberato et al. (2014) a partir de siete genotipos colombianos de *P. peruviana*, con respuesta diferencial a *Fusarium oxysporum*, describe la predominancia de cromosomas metacéntricos, submetacéntricos, subtlocéntricos y telocéntricos (en menor número). Estos resultados revelaron cariotipos con alto grado de asimetría intercromosómica, lo cual se asemeja a lo obtenido en las poblaciones de San Pablo y Cajabamba en el presente trabajo; sin embargo, una vez más la presencia cromosomas subtlocéntricos (también llamados acrocéntricos según Levan et al. 1964) marca la diferencia con nuestros resultados.

La diversificación de cariotipos puede ser considerada si se observan variaciones con relación a (1) número básico de cromosomas, (2) forma y tamaño relativo de los cromosomas, (3) número y tamaño de constricción secundaria y región satélite, (4) tamaño absoluto de los cromosomas y (5) localización de regiones eucromáticas y heterocromáticas (Cheema & Pant 2013 y Furtado Nani et al. 2015). Siendo así, los resultados obtenidos en las Tablas 6, 7, 8 y 9 evidenciaron que las diferencias entre los cariotipos de San Pablo, Celendín y Cajabamba se basan en la forma y el tamaño relativo de los cromosomas de cada población en concordancia con el punto número dos señalado por Cheema y Pant (2013) y Furtado Nani et al. (2015).

Tabla 9. Parámetros evaluados en el cariotipo de cada población de *Physalis peruviana*. HCL: complemento haploide, S%: simetría, A: Asimetría (Paszko, 2006), A1 y A2: asimetría intra e intercromosómica (Romero-Zarco, 1986).

Población	HCL	S%	A	A1	A2
San Pablo	24.593	41.390	0.286	0.382	0.222
Celendín	21.690	53.226	0.177	0.276	0.148
Cajabamba	21.783	44.645	0.255	0.360	0.180

La diferencia cariotípica que observamos, distingue al cariotipo de Celendín como el más simétrico, mientras que los cariotipos de San Pablo y Celendín fueron descritos como asimétricos a nivel intra e intercromosómico. No se encontraron trabajos que describan el compor-

tamiento de estas variables en *P. peruviana*, pero en su lugar se tienen reportes que las describen a partir de cariotipos de otras especies de la familia Solanaceae. Chiarini et al. (2011) sostienen que la familia Solanaceae presenta mayoritariamente cromosomas metacéntricos (m) o submetacéntricos (sm), con valores de índice braquial de 1.17 hasta 2.78 μm lo cual coincide con nuestras observaciones (1.23 hasta 1.78 μm). Por otro lado, cromosomas telocéntricos han sido confirmados en pocas especies de la familia Solanaceae, por ejemplo, en *Solanum muricatum* y *S. basendopogon*, (Bernardello & Anderson 1990, Nair & Ravindran 1994) y *Nicotiana plumbaginifolia* (Villa 1984, Nair & Ravindran 1994).

Otra variable analizada fue la longitud total del complemento haploide, reportándose un rango de variación de 3 μm aproximadamente entre los cariotipos de San Pablo, Celendín y Cajabamba. Teodoro-Pardo et al. (2007) describen un mayor rango de variación de HCL evaluando tres muestras de *Capsicum annuum* provenientes de distintas provincias de México. La comparación de ambos estudios explica que la variación de HCL se relaciona con el estado de condensación de los cromosomas analizados, pudiendo ser desde prometafase hasta metafase; sin embargo, Teodoro Pardo et al. (2007) señalan que la diferencia de compactación de la cromatina no implica directamente variaciones en el tamaño del genoma.

Por otro lado, cariotipos simétricos fueron reportados en la familia Solanaceae como *Capsicum annuum* (Moscone et al. 2007; Teodoro-Pardo et al. 2007) y la subfamilia Solanoideae (Chiarini et al. 2011). En la misma familia, un ejemplo de cariotipo asimétrico fue dado por Gómez Pulgarín et al. (2012) estudiando *Solanum phureja*, pariente silvestre diploide de la papa cultivada. En *P. peruviana* esas variables no fueron descritas anteriormente. Sin embargo, Liberato et al. (2014) y Rodríguez & Bueno (2006) revelaron fórmulas cariotípicas que incluyen cromosomas acrocéntricos y telocéntricos respectivamente; por lo cual es posible inferir cierto grado de asimetría en los cariotipos de ambos estudios. Stebbins (1971) plantea la hipótesis que, durante la evolución de las angiospermas, los cariotipos primitivos fueron inicialmente simétricos y con el paso del tiempo las nuevas especies fueron descritas por cariotipos asimétricos, como en las gimnospermas. Considerando esta premisa, suponemos que el grado de simetría observado en el cariotipo de Celendín ($S\% = 53.226$, $A = 0.177$), podría mantener aún características de su antecesor silvestre considerando el reciente proceso de domesticación que tuvo el aguaymanto en Perú. Mientras que, la asimetría cariotípica observada en San Pablo podría ser justificada por el proceso de mejoramiento mediante selección masal de los cultivos. Sin embargo, se hace necesario profundizar con estudios de citogenética molecular el trasfondo evolutivo de los cariotipos.

Tabla 5. Índice braquial (r) y tipo de cromosoma para cada par cromosómico que conforma el cariotipo de *Physalis peruviana* proveniente de San Pablo, Celendín y Cajabamba, respectivamente ($2n=48$).

Par cromosómico	San Pablo		Celendín		Cajabamba	
	r promedio *	Tipo**	r promedio*	Tipo**	r promedio*	Tipo**
1A	1.78	sm	1.51	m	1.63	m
2A	1.47	m	1.45	m	1.43	m
3A	1.62	m	1.28	m	1.55	m
4A	1.46	m	1.27	m	1.61	m
5A	1.72	sm	1.23	m	1.44	m
6A	1.33	m	1.45	m	1.44	m
7A	1.46	m	1.25	m	1.38	m
8A	1.51	m	1.53	m	1.45	m
9A	1.48	m	1.28	m	1.39	m
10A	1.61	m	1.36	m	1.59	m
11A	1.51	m	1.56	m	1.37	m
12A	1.74	sm	1.50	m	1.52	m
13A	1.30	m	1.46	m	1.47	m
14A	1.26	m	1.30	m	1.61	m
15A	1.38	m	1.41	m	1.46	m
16A	1.25	m	1.27	m	1.39	m
17A	1.74	sm	1.41	m	1.87	sm
18A	1.25	m	1.52	m	1.33	m
19A	1.34	m	1.24	m	1.39	m
20A	1.43	t	1.31	m	1.30	m
21A	1.32	m	1.42	m	1.39	m
22A	1.31	t	1.38	m	1.75	sm
23A	1.62	m	1.34	m	Infinito	t
24A	Infinito	t	1.34	m	Infinito	t
Fórmula	17m + 4sm + 3t		24m		20m+ 2sm+2t	

*r promedio: se refiere al promedio de los índices braquiales (r) de las 5 metafases analizadas por población. **Tipo: m: metacéntrico, sm: submetacéntrico y t: telocéntrico.

Tabla 6. Variables utilizadas para la elaboración del cariotipo de *Physalis peruviana* de la población San Pablo, obtenidos a partir del software Ideokar l: long. brazo largo, s: long. brazo corto, c: Long total del cromosoma, PC: par cromosómico, L (MH): promedio de la long. brazo largo del par homólogo, S (MH): promedio de la long. brazo largo del par homólogo, r: índice braquial, i: índice centromérico, DE: desvío estándar.

N° de cromosoma (2n=48)	l	s	c	PC	L (MH)	DE	S (MH)	DE	LC (MH)	DE	r	DE	i	DE	Tipo
1A	0.84	0.35	1.19	1	0.89	0.05	0.37	0.02	1.26	0.06	2.45	0.03	0.29	0.00	sm
1A	0.94	0.39	1.32												
2A	0.71	0.48	1.19	2	0.66	0.05	0.50	0.02	1.16	0.03	1.33	0.14	0.43	0.03	m
2A	0.61	0.52	1.13												
3A	0.55	0.55	1.10	3	0.63	0.08	0.48	0.06	1.11	0.02	1.27	0.35	0.44	0.06	m
3A	0.71	0.42	1.13												
4A	0.65	0.48	1.13	4	0.60	0.05	0.50	0.02	1.10	0.03	1.20	0.14	0.46	0.03	m
4A	0.55	0.52	1.06												
5A	0.71	0.42	1.13	5	0.66	0.05	0.40	0.02	1.06	0.06	1.67	0.05	0.38	0.01	m
5A	0.61	0.39	1.00												
6A	0.52	0.45	0.97	6	0.56	0.05	0.48	0.03	1.05	0.08	1.13	0.02	0.46	0.00	m
6A	0.61	0.52	1.13												
7A	0.61	0.48	1.10	7	0.58	0.03	0.45	0.03	1.03	0.06	1.29	0.02	0.44	0.00	m
7A	0.55	0.42	0.97												
8A	0.55	0.42	0.97	8	0.60	0.05	0.42	0.00	1.02	0.05	1.38	0.12	0.41	0.02	m
8A	0.65	0.42	1.06												
9A	0.52	0.52	1.03	9	0.55	0.03	0.47	0.05	1.02	0.02	1.21	0.19	0.46	0.04	m
9A	0.58	0.42	1.00												
10A	0.58	0.45	1.03	10	0.56	0.02	0.45	0.00	1.02	0.02	1.21	0.04	0.44	0.01	m
10A	0.55	0.45	1.00												
11A	0.58	0.42	1.00	11	0.58	0.00	0.39	0.03	0.97	0.03	1.50	0.13	0.40	0.02	m
11A	0.58	0.35	0.94												
12A	0.61	0.35	0.97	12	0.58	0.03	0.39	0.03	0.97	0.00	1.50	0.21	0.40	0.03	m
12A	0.55	0.42	0.97												
13A	0.52	0.35	0.87	13	0.58	0.06	0.37	0.02	0.95	0.08	1.64	0.11	0.39	0.02	m
13A	0.65	0.39	1.03												
14A	0.52	0.48	1.00	14	0.52	0.00	0.44	0.05	0.95	0.05	1.23	0.13	0.46	0.03	m
14A	0.52	0.39	0.90												
15A	0.58	0.39	0.97	15	0.56	0.02	0.37	0.02	0.94	0.03	1.55	0.02	0.40	0.00	m
15A	0.55	0.35	0.90												
16A	0.48	0.35	0.84	16	0.50	0.02	0.42	0.06	0.92	0.08	1.15	0.15	0.45	0.03	m
16A	0.52	0.48	1.00												
17A	0.52	0.35	0.87	17	0.55	0.03	0.35	0.00	0.90	0.03	1.55	0.09	0.39	0.01	m
17A	0.58	0.35	0.94												
18A	0.48	0.35	0.84	18	0.50	0.02	0.37	0.02	0.87	0.03	1.36	0.02	0.43	0.00	m
18A	0.52	0.39	0.90												
19A	0.52	0.29	0.81	19	0.56	0.05	0.29	0.00	0.85	0.05	1.89	0.17	0.34	0.02	sm
19A	0.61	0.29	0.90												
20A	0.52	0.32	0.84	20	0.50	0.02	0.35	0.03	0.85	0.02	1.36	0.18	0.41	0.03	m
20A	0.48	0.39	0.87												
21A	0.45	0.39	0.84	21	0.47	0.02	0.34	0.05	0.81	0.03	1.40	0.25	0.42	0.04	m
21A	0.48	0.29	0.77												
22A	0.48	0.29	0.77	22	0.45	0.03	0.32	0.03	0.77	0.00	1.40	0.24	0.42	0.04	m
22A	0.42	0.35	0.77												
23A	0.42	0.29	0.71	23	0.42	0.00	0.34	0.05	0.76	0.05	1.30	0.18	0.44	0.04	m
23A	0.42	0.39	0.81												
24A	0.68	0.00	0.68	24	0.68	0.00	0.00	0.00	0.68	0.00	Infinito	NeuN	0.00	0.00	T
24A	0.68	0.00	0.68												

Tabla 7. Variables utilizadas para la elaboración del cariotipo de *Physalis peruviana* de la población Celendín, obtenidos a partir del software Ideokar. l: long. brazo largo, s: long. brazo corto, c: Long total del cromosoma, PC: par cromosómico, L (MH): promedio de la long. brazo largo del par homólogo, S (MH): promedio de la long. brazo largo del par homólogo, r: índice braquial, i: índice centromérico, DE: desvío estándar.

N° de cromosoma (2n=48)	l	s	c	PC	L (MH)	DE	S (MH)	DE	LC (MH)	DE	r	DE	i	DE	Tipo
1A	0.61	0.54	1.15	1.00	0.61	0.00	0.54	0.00	1.15	0.00	1.12	0.00	0.47	0.00	m
1A	0.61	0.54	1.15												
2A	0.61	0.45	1.06	2.00	0.62	0.02	0.42	0.03	1.04	0.02	1.46	0.15	0.40	0.02	m
2A	0.64	0.38	1.03												
3A	0.61	0.42	1.03	3.00	0.59	0.02	0.45	0.03	1.04	0.02	1.29	0.13	0.43	0.02	m
3A	0.58	0.48	1.06												
4A	0.54	0.45	0.99	4.00	0.53	0.02	0.43	0.02	0.96	0.03	1.23	0.01	0.45	0.00	m
4A	0.51	0.42	0.93												
5A	0.51	0.48	0.99	5.00	0.50	0.02	0.45	0.03	0.95	0.05	1.07	0.04	0.47	0.01	m
5A	0.48	0.42	0.90												
6A	0.48	0.45	0.93	6.00	0.48	0.00	0.42	0.03	0.90	0.03	1.15	0.09	0.46	0.02	m
6A	0.48	0.38	0.87												
7A	0.51	0.42	0.93	7.00	0.48	0.03	0.42	0.00	0.90	0.03	1.15	0.08	0.46	0.02	m
7A	0.45	0.42	0.87												
8A	0.54	0.35	0.90	8.00	0.54	0.00	0.34	0.02	0.88	0.02	1.70	0.08	0.38	0.01	sm
8A	0.54	0.32	0.87												
9A	0.48	0.45	0.93	9.00	0.46	0.02	0.42	0.03	0.88	0.05	1.08	0.05	0.47	0.01	m
9A	0.45	0.38	0.83												
10A	0.51	0.38	0.90	10.00	0.51	0.00	0.37	0.02	0.88	0.02	1.45	0.06	0.42	0.01	m
10A	0.51	0.35	0.87												
11A	0.45	0.42	0.87	11.00	0.46	0.02	0.40	0.02	0.87	0.00	1.17	0.09	0.46	0.02	m
11A	0.48	0.38	0.87												
12A	0.51	0.35	0.87	12.00	0.51	0.00	0.35	0.00	0.87	0.00	1.45	0.00	0.41	0.00	m
12A	0.51	0.35	0.87												
13A	0.67	0.32	0.99	13.00	0.54	0.13	0.32	0.00	0.87	0.13	1.70	0.40	0.38	0.06	sm
13A	0.42	0.32	0.74												
14A	0.51	0.38	0.90	14.00	0.53	0.02	0.34	0.05	0.87	0.03	1.60	0.28	0.39	0.04	m
14A	0.54	0.29	0.83												
15A	0.48	0.35	0.83	15.00	0.48	0.00	0.35	0.00	0.83	0.00	1.36	0.00	0.42	0.00	m
15A	0.48	0.35	0.83												
16A	0.45	0.45	0.90	16.00	0.45	0.00	0.38	0.06	0.83	0.06	1.17	0.20	0.46	0.04	m
16A	0.45	0.32	0.77												
17A	0.51	0.32	0.83	17.00	0.46	0.05	0.35	0.03	0.82	0.02	1.27	0.26	0.43	0.05	m
17A	0.42	0.38	0.80												
18A	0.45	0.38	0.83	18.00	0.43	0.02	0.35	0.03	0.79	0.05	1.18	0.07	0.45	0.01	m
18A	0.42	0.32	0.74												
19A	0.42	0.42	0.83	19.00	0.40	0.02	0.38	0.03	0.79	0.05	1.00	0.05	0.49	0.01	M
19A	0.38	0.35	0.74												
20A	0.38	0.35	0.74	20.00	0.40	0.02	0.38	0.03	0.79	0.05	1.00	0.05	0.49	0.01	M
20A	0.42	0.42	0.83												
21A	0.42	0.29	0.71	21.00	0.43	0.02	0.34	0.05	0.77	0.06	1.30	0.14	0.44	0.03	m
21A	0.45	0.38	0.83												
22A	0.42	0.38	0.80	22.00	0.42	0.00	0.35	0.03	0.77	0.03	1.18	0.11	0.46	0.02	m
22A	0.42	0.32	0.74												
23A	0.45	0.29	0.74	23.00	0.45	0.00	0.30	0.02	0.75	0.02	1.56	0.08	0.40	0.01	m
23A	0.45	0.32	0.77												
24A	0.38	0.29	0.67	24.00	0.37	0.02	0.29	0.00	0.66	0.02	1.22	0.06	0.44	0.01	m
24A	0.35	0.29	0.64												

Tabla 8. Variables utilizadas para la elaboración del cariotipo de *Physalis peruviana* de la población Cajabamba, obtenidos a partir del software Ideokar. l: long. brazo largo, s: long. brazo corto, c: Long total del cromosoma, PC: par cromosómico, L (MH): promedio de la long. brazo largo del par homólogo, S (MH): promedio de la long. brazo largo del par homólogo, r: índice braquial, i: índice centromérico, DE: desvío estándar.

N° de cromosoma (2n=48)	l	s	c	PC	L (MH)	DE	S (MH)	DE	LC (MH)	DE	r	DE	i	DE	Tipo
1A	0.61	0.54	1.15	1.00	0.61	0.00	0.54	0.00	1.15	0.00	1.12	0.00	0.47	0.00	m
1A	0.61	0.54	1.15												
2A	0.61	0.45	1.06	2.00	0.62	0.02	0.42	0.03	1.04	0.02	1.46	0.15	0.40	0.02	m
2A	0.64	0.38	1.03												
3A	0.61	0.42	1.03	3.00	0.59	0.02	0.45	0.03	1.04	0.02	1.29	0.13	0.43	0.02	m
3A	0.58	0.48	1.06												
4A	0.54	0.45	0.99	4.00	0.53	0.02	0.43	0.02	0.96	0.03	1.23	0.01	0.45	0.00	m
4A	0.51	0.42	0.93												
5A	0.51	0.48	0.99	5.00	0.50	0.02	0.45	0.03	0.95	0.05	1.07	0.04	0.47	0.01	m
5A	0.48	0.42	0.90												
6A	0.48	0.45	0.93	6.00	0.48	0.00	0.42	0.03	0.90	0.03	1.15	0.09	0.46	0.02	m
6A	0.48	0.38	0.87												
7A	0.51	0.42	0.93	7.00	0.48	0.03	0.42	0.00	0.90	0.03	1.15	0.08	0.46	0.02	m
7A	0.45	0.42	0.87												
8A	0.54	0.35	0.90	8.00	0.54	0.00	0.34	0.02	0.88	0.02	1.70	0.08	0.38	0.01	sm
8A	0.54	0.32	0.87												
9A	0.48	0.45	0.93	9.00	0.46	0.02	0.42	0.03	0.88	0.05	1.08	0.05	0.47	0.01	m
9A	0.45	0.38	0.83												
10A	0.51	0.38	0.90	10.00	0.51	0.00	0.37	0.02	0.88	0.02	1.45	0.06	0.42	0.01	m
10A	0.51	0.35	0.87												
11A	0.45	0.42	0.87	11.00	0.46	0.02	0.40	0.02	0.87	0.00	1.17	0.09	0.46	0.02	m
11A	0.48	0.38	0.87												
12A	0.51	0.35	0.87	12.00	0.51	0.00	0.35	0.00	0.87	0.00	1.45	0.00	0.41	0.00	m
12A	0.51	0.35	0.87												
13A	0.67	0.32	0.99	13.00	0.54	0.13	0.32	0.00	0.87	0.13	1.70	0.40	0.38	0.06	sm
13A	0.42	0.32	0.74												
14A	0.51	0.38	0.90	14.00	0.53	0.02	0.34	0.05	0.87	0.03	1.60	0.28	0.39	0.04	m
14A	0.54	0.29	0.83												
15A	0.48	0.35	0.83	15.00	0.48	0.00	0.35	0.00	0.83	0.00	1.36	0.00	0.42	0.00	m
15A	0.48	0.35	0.83												
16A	0.45	0.45	0.90	16.00	0.45	0.00	0.38	0.06	0.83	0.06	1.17	0.20	0.46	0.04	m
16A	0.45	0.32	0.77												
17A	0.51	0.32	0.83	17.00	0.46	0.05	0.35	0.03	0.82	0.02	1.27	0.26	0.43	0.05	m
17A	0.42	0.38	0.80												
18A	0.45	0.38	0.83	18.00	0.43	0.02	0.35	0.03	0.79	0.05	1.18	0.07	0.45	0.01	m
18A	0.42	0.32	0.74												
19A	0.42	0.42	0.83	19.00	0.40	0.02	0.38	0.03	0.79	0.05	1.00	0.05	0.49	0.01	M
19A	0.38	0.35	0.74												
20A	0.38	0.35	0.74	20.00	0.40	0.02	0.38	0.03	0.79	0.05	1.00	0.05	0.49	0.01	M
20A	0.42	0.42	0.83												
21A	0.42	0.29	0.71	21.00	0.43	0.02	0.34	0.05	0.77	0.06	1.30	0.14	0.44	0.03	m
21A	0.45	0.38	0.83												
22A	0.42	0.38	0.80	22.00	0.42	0.00	0.35	0.03	0.77	0.03	1.18	0.11	0.46	0.02	m
22A	0.42	0.32	0.74												
23A	0.45	0.29	0.74	23.00	0.45	0.00	0.30	0.02	0.75	0.02	1.56	0.08	0.40	0.01	m
23A	0.45	0.32	0.77												
24A	0.38	0.29	0.67	24.00	0.37	0.02	0.29	0.00	0.66	0.02	1.22	0.06	0.44	0.01	m
24A	0.35	0.29	0.64												

Literatura citada

- Badr A, Khalifa SF, Aboel-Atta AI, Abou-El-Enain MM. 1997. Chromosomal Criteria and Taxonomic Relationships in the Solanaceae. *Cytologia* 62 (2). :103-13. <https://doi.org/10.1508/cytologia.62.103>.
- Bala S, Gupta RC. 2011. Effect of secondary associations on meiosis, pollen fertility and pollen size in cape gooseberry (*Physalis peruviana* L.). *Chromosome Botany* 6:25-28. <https://doi.org/10.3199/isch.6.25>
- Carbajal YN. 2018. Caracterización Citogenética de Tres Ecotipos de *Physalis peruviana* 'Aguaymanto' Provenientes Del Departamento de Cajamarca: Diversidad y Evolución. Universidad Nacional Mayor de San Marcos. <http://cybertesis.unmsm.edu.pe/handle/cybertesis/7692>.
- Cheema SK, Pant MR. 2013. Karyotype Analysis of Seven Cultivated Varieties of *Capsicum Annuum* L. *Caryologia* 66 (1):70-75. <https://doi.org/10.1080/00087114.2013.787204>.
- Chiarini FE, Moreno NC, Barboza GE, Bernardello G. 2011. Karyotype Characterization of Andean Solanoideae (Solanaceae). *Caryologia* 63 (3):278-91. <https://doi.org/10.1080/00087114.2010.589738>.
- Dostert N, Roque J, Cano A, La Torre MI, Weigend M, Luebert F. 2012. Hoja Botánica: Aguaymanto. *Physalis Peruviana* L. 1st ed. Lima: Proyecto Perú biodiverso . <http://bibliotecavirtual.minam.gob.pe/biam/handle/minam/1424>.
- Ferreira De Melo CA. 2009. Estudo citogenético e molecular em nove espécies do gênero *solanum* l. (Solanaceae A. Juss). Universidade Federal Rural de Pernambuco. http://www.pgmp.ufrpe.br/sites/ww4.pgba.ufrpe.br/files/documentos/clausio_antonio_ferreira_de_melo.pdf.
- Fischer, G., Miranda D., Piedrahita W. & J. Romero. 2005. Avances en cultivo, poscosecha y exportación de la uchuva (*Physalis peruviana* L.). Universidad Nacional de Colombia, Facultad de Agronomía, Sede Bogotá.
- Furtado Nani T, Teixeira A, De Oliveira F, Barbosa S, Barbosa JC, Chamma Davide L. 2015. Variation of Karyotype and Nuclear DNA Content among Four Species of *Plectranthus* L' Héritier, 1788 (Lamiaceae) from Brazil. *Comparative Cytogenetics* 9 (4):549-63. <https://doi.org/10.3897/CompCytogen.v9i4.6255>.
- Gómez PT, Ortiz JB, Tuirán R, Galindo LF, Arango R, Morales JG. 2012. Caracterización citogenética de cinco genotipos de papa criolla, *Solanum phureja* (Juz. et Buk.). *Revista Facultad Nacional de Agronomía Medellín* 65 (1):6379-87. <https://doi.org/10.15446/rfnam>
- Greilhuber J, Weber A. (1975). Aneusomaty in *Orobancha gracilis*. *Plant Systematics and Evolution* 124(1): 67-77. <https://doi.org/10.1007/BF00986157>
- Levan A, Fredga K, Sandberg AA. 1964. Nomenclature for centromeric position on chromosomes. *Hereditas* 52(2):201-20. <https://doi.org/10.1111/j.1601-5223.1964.tb01953.x>.
- Liberato S.A, Sánchez-Betancourt E, Argüelles JH, González C, Núñez V, Barrero L. 2014. Citogenética de genotipos de uchuva, *Physalis peruviana* L. y *Physalis floridana* Rydb., con respuesta diferencial a *Fusarium oxysporum*. *Corpoica. Ciencia y Tecnología Agropecuaria* 15 (1):51-61. https://doi.org/10.21930/rcta.vol15_num1_art:396
- Mazorra MF, Quintana AP, Miranda D, Fischer G, Chaparro De Valencia M. 2006. Anatomic aspects of formation and growth of the Cape Gooseberry Fruit *Physalis peruviana* (Solanaceae). *Acta Biológica Colombiana* 11:69-81. <https://doi.org/10.15446/abc>.
- Menzel MY. 1951. The Cytotaxonomy and Genetics of *Physalis*. *Proceedings of the American Philosophical Society*. <https://doi.org/10.2307/3143331>.
- Moscone EA, Scaldaferrero M, Grabile M, Cecchini N, Sánchez Y, Jarret R, Daviña JR, Ducasse DA, Barboza GE, Ehrendorfer F. 2007. The evolution of chili peppers (*Capsicum* - Solanaceae): A cytogenetic perspective. *Acta Horticulturae*. 745 (6):137-70. <https://doi.org/10.17660/ActaHortic.2007.745.5>.
- Nair R, Ravindran PN. 1994. Somatic association of chromosomes and other mitotic abnormalities in *Vanilla planifolia* (Andrews). *Caryologia* 47 (1):65-73. <https://doi.org/10.1080/00087114.1994.10797284>.
- Paszko B. 2006. A critical review and a new proposal of karyotype asymmetry indices. *Plant Systematics and Evolution*, 258(1-2), 39-48. <https://doi.org/10.1007/s00606-005-0389-2>
- Puente LA, Pinto-Muñoz CA, Castro ES, Cortés M. 2011. *Physalis peruviana* Linnaeus, the multiple properties of a highly functional fruit: A Review. *Food Research International* 44 (7):1733-40. <https://doi.org/10.1016/J.FOODRES.2010.09.034>.
- Rodríguez CN, Bueno ML. 2006. Study of the Cytogenetic Diversity of *Physalis Peruviana* L. (Solanaceae). *Acta Biológica Colombiana* 11 (2):75-85. <https://doi.org/10.15446/agron.colomb.v34n1.52960>
- Romero-Zarco C. 1986. A New Method for Estimating Karyotype Asymmetry. *Taxon*, 35(3), 526. <https://doi.org/10.2307/1221906>
- Sánchez BP. 2014. Nivel de Ploidía de Plantas de Uchuva Provenientes de Cultivo de Anteras. Tesis de la Universidad Nacional de Colombia. <http://www.bdigital.unal.edu.co/44370/1/23351820.2014.pdf>.
- Schreiber F. 2012. Estudio de prefactibilidad para la producción y comercialización de aguaymanto (*Physalis peruviana* L.) en condiciones de valles andinos | Horticulture International. Edited by Sierra Exportadora. Lima, Perú. <https://hortintl.cals.ncsu.edu/es/articles/estudio-de-prefactibilidad-para-la-produccion-y-comercializacion-de-aguaymanto-physalis-per>.
- Stebbins GL. 1971. Chromosomal Evolution in Higher Plants G. Ledyard Stebbins. *The American Biology Teacher*, 34(5), 290-290. <https://doi.org/10.2307/4443938>
- Storme N, Mason A. 2014. Plant speciation through chromosome instability and ploidy change: cellular mechanisms, molecular factors and evolutionary relevance. *Current Plant Biology* 1 :10-33. <https://doi.org/10.1016/J.CPB.2014.09.002>.
- Tapia ME, Fries AM. 2007. Guía de campo de los cultivos andinos. *Fao; Anpe-Perú*, 221.
- Teodoro-Pardo CV, García-Velázquez A, Corona-Torres T. 2007. Polimorfismo cromosómico en *Capsicum annuum* L. (Solanaceae) en recolectas de Puebla, Morelos y Querétaro, México. *Agrociencia [en línea]* 2007, 41 (Sin mes). Disponible en: <http://redalyc.org/redalyc.org/articulo.oa?id=30220203007> ISSN 1405-3195 41 (8).

Agradecimientos / Acknowledgments:

Los autores agradecen la colaboración de la empresa Agroandino S.R.L. en San Pablo, de la asociación AZ ingenieros en Celendín y del Ing. Lenin Abanto en Cajabamba por la disposición de su material y el apoyo técnico proporcionado durante la colecta de frutos en sus campos de cultivo. De igual manera, agradecer al Consejo Superior de Investigación por la subvención a los proyectos 151001141 (proyecto CONCON); 161001047 (Fondo de Promoción de Tesis) y al Vicerrectorado de Investigación y Posgrado de la UNMSM por el financiamiento del proyecto 17100151 (Proyecto de Investigación con Financiamiento para Grupos de Investigación) de los cuales deriva la presente publicación.

Conflicto de intereses / Competing interests:

Los autores no incurrir en conflictos de intereses.

Rol de los autores / Authors Roles:

YC: diseño del estudio; YC, HB y AL: colecta de las muestras; YC, HB y MS: análisis e interpretación de datos; YC, HB, MS y AL: redacción y estructuración del artículo. Todos los autores contribuyeron con su opinión crítica para la versión final del artículo.

Fuentes de financiamiento / Funding:

Esta investigación fue financiada por la Universidad Nacional Mayor de San Marcos –mediante RR N° 00532-R-15 con código de proyecto 151001141; RR N° 00722-R-16 con código de proyecto 161001047 y la RR N° 04274-R-17 con código de proyecto B17100151.

Aspectos éticos / legales; Ethics / legals:

Los autores declaran no haber incurrido en aspectos antiéticos. Se solicitó permiso de colecta a los dueños de los huertos. Los autores declaran que no violaron ni omitieron normas éticas o legales en esta investigación.