

Referencias

- Andrew, S. (2010). *Fastqc: A quality control tool for high throughput sequence data*. Descargado de <http://www.bioinformatics.babraham.ac.uk/projects/fastqc/>
- Avila Vargas, J. A. (2018, Ago). *Análisis de la expresión del gen Nbp35 en la ruta del jasmonato del cultivo de Solanum Tuberosum Vf. Phureja irradiada con Co60* (Inf. Téc.). Descargado de <http://hdl.handle.net/11349/14954>
- Baracaldo Huertas, C. L., y Velasco Triana, D. (2017, Nov). *Estandarización de un medio de cultivo para la obtención a partir del cultivo in vitro de Solanum Phureja mutante flor blanca* (Inf. Téc.). Descargado de <http://hdl.handle.net/11349/14947>
- Benítez-Páez, A., y Cárdenas-Brito, S. (2010). Bioinformática en Colombia: presente y futuro de la investigación biocomputacional. *Biomédica*, 30(2), 170. doi: 10.7705/biomedica.v30i2.180
- Beukema, H., van der Zaag, D. E., y cols. (1990). *Introduction to potato production* (n.º 633.491 B4). Pudoc Wageningen.
- Bolger, A. M., Lohse, M., y Usadel, B. (2014, apr). Trimmomatic: a flexible trimmer for illumina sequence data. *Bioinformatics*, 30(15), 2114–2120. doi: 10.1093/bioinformatics/btu170
- Carreño, N., Vargas, A., Bernal, A., y Restrepo, S. (2007). Problemas fitopatológicos en especies de la familia Solanaceae causados por los géneros Phytophthora, Alternaria y Ralstonia en Colombia. Una revisión. *Agronomía Colombiana*, 2(25), 320–329. Descargado de <https://revistas.unal.edu.co/index.php/agrocol/article/view/14136>
- Castro, J. C., Valdés, I., Gonzalez-García, L. N., Danies, G., Cañas, S., Winck, F. V., ... Riaño-Pachón, D. M. (2019, apr). Gene regulatory networks on transfer entropy (GRNTE): a novel approach to reconstruct gene regulatory interactions applied to a case study for the plant pathogen phytophthora infestans. *Theoretical Biology and Medical Modelling*, 16(1). doi: 10.1186/s12976-019-0103-7
- Chial, H. (2008). *Polygenic Inheritance and Gene Mapping*. Descargado de <https://www.nature.com/scitable/topicpage/polygenic-inheritance-and-gene>

-mapping-915/?error=cookies_not_supported&code=7464a5ae-4d15-41b6-88c9-da9258402d60

- Danecek, P., Bonfield, J. K., Liddle, J., Marshall, J., Ohan, V., Pollard, M. O., ... Li, H. (2021, 02). Twelve years of SAMtools and BCFtools. *GigaScience*, 10(2). Descargado de <https://doi.org/10.1093/gigascience/giab008> (giab008) doi: 10.1093/gigascience/giab008
- Dubey, P. K., y Flynn, M. J. (1990, jan). Optimal pipelining. *Journal of Parallel and Distributed Computing*, 8(1), 10–19. doi: 10.1016/0743-7315(90)90064-v
- European Molecular Biology Laboratory. (2018). *Differential gene expression analysis*. Descargado de <https://www.ebi.ac.uk/training/online/courses/functional-genomics-ii-common-technologies-and-data-analysis-methods/rna-sequencing/performing-a-rna-seq-experiment/data-analysis/differential-gene-expression-analysis/>
- Ewels, P., Magnusson, M., Lundin, S., y Käller, M. (2016, jun). MultiQC: summarize analysis results for multiple tools and samples in a single report. *Bioinformatics*, 32(19), 3047–3048. doi: 10.1093/bioinformatics/btw354
- Ewels, P. A., Peltzer, A., Fillinger, S., Patel, H., Alneberg, J., Wilm, A., ... Nahnsen, S. (2020, feb). The nf-core framework for community-curated bioinformatics pipelines. *Nature Biotechnology*, 38(3), 276–278. doi: 10.1038/s41587-020-0439-x
- Fano, H., Carmona, G., Ordinola, M., y Scott, G. (1998). Experiencias de exportacion de la papa amarilla peruana. *Centro Internacional de la Papa (CIP)*. Descargado de <https://agris.fao.org/agris-search/search.do?recordID=QP1999000068>
- Fao statistics. (2021). FAO. Descargado de <http://www.fao.org/faostat>
- Felcher, K. J., Coombs, J. J., Massa, A. N., Hansey, C. N., Hamilton, J. P., Veilleux, R. E., ... Douches, D. S. (2012, apr). Integration of two diploid potato linkage maps with the potato genome sequence. *PLoS ONE*, 7(4), e36347. doi: 10.1371/journal.pone.0036347
- Feldman, S. (1976, Abr). *Make - GNU Project*. Descargado de <https://www.gnu.org/software/make/>
- A free software project. (2005). R-Project. Descargado de <https://cran.r-project.org/>

doc/html/interface98-paper/paper_2.html

- Gallo García, Y. M., Sierra Mejía, A., Donaire Segarra, L., Aranda, M., Gutiérrez Sánchez, P. A., y Marín Montoya, M. (2019). Coinfección natural de virus de ARN en cultivos de papa *Solanum tuberosum subsp. Andigena* en Antioquia (Colombia). *Acta Biológica Colombiana*, 24(3), 546–560. doi: 10.15446/abc.v24n3.79277
- Garay Alvarez, N. A., y Espinosa Ladino, L. G. (2019, Nov). *Evaluación de la expresión del gen ABI4 y proteína DELLA (GAI) en mutantes candidato de Papa Criolla (Solanum tuberosum Grupo Phureja) obtenido con irradiación de cobalto 60* (Inf. Téc.). Descargado de <http://hdl.handle.net/11349/22267>
- García Mejía, E. D., y Parra Rodríguez, N. O. (2019, Nov). *Evaluación de la Expresión del Gen NCED, que Codifica para la Enzima 9-Cis Epoxicarotenoide Dioxigenasa, en Tubérculos de Mutantes Sólidos (Irradiados con Cobalto 60) de Solanum Tuberosum Grupo Phureja, Variedad Criolla Colombia* (Inf. Téc.). Descargado de <http://hdl.handle.net/11349/22264>
- Gómez Pulgarín, T. M., López Ortiz, J. B., Pineda Tuirán, R., Galindo López, L. F., Arango Isaza, R., y Morales Osorio, J. G. (2012). Caracterización citogenética de cinco genotipos de papa criolla, *solanum phureja* (juz. et buk.). *Revista Facultad Nacional de Agronomía Medellín*, 65(1), 6379–6387.
- Gong, L., Zhang, H., Gan, X., Zhang, L., Chen, Y., Nie, F., ... Song, Y. (2015, may). Transcriptome profiling of the potato (*solanum tuberosum* l.) plant under drought stress and water-stimulus conditions. *PLOS ONE*, 10(5), e0128041. doi: 10.1371/journal.pone.0128041
- Gudbjartsson, D. F., Walters, G. B., Thorleifsson, G., Stefansson, H., Halldorsson, B. V., Zusmanovich, P., ... Stefansson, K. (2008, apr). Many sequence variants affecting diversity of adult human height. *Nature Genetics*, 40(5), 609–615. doi: 10.1038/ng.122
- Guzmán Vásquez, J. D. (2016, Feb). *Caracterización fenotípica de un cultivo de papa criolla (Solanum tuberosum grupo phureja, variedad criolla colombia) irradiada con cobalto 60 ubicado en el municipio El Rosal, Finca El Pino Km 16 vía Subachoque, Cundinamarca* (Inf. Téc.). Descargado de <http://hdl.handle.net/11349/23147>

- Hamilton, J. P., Hansey, C. N., Whitty, B. R., Stoffel, K., Massa, A. N., Deynze, A. V., ... Buell, C. R. (2011, jun). Single nucleotide polymorphism discovery in elite north american potato germplasm. *BMC Genomics*, 12(1). doi: 10.1186/1471-2164-12-302
- Helix BioS. (2019). *Análisis de RNA-seq*. Descargado de <http://www.helixbios.com/analisis-de-rna-seq>
- Hernández Ballesteros, S. (2016). *Desarrollo de una gui para el análisis de datos de secuenciación genómica* (Tesis de Master no publicada). Universidad Autónoma de Madrid.
- Hirsch, C. D., Hamilton, J. P., Childs, K. L., Cepela, J., Crisovan, E., Vaillancourt, B., ... Buell, C. R. (2014). Spud DB: A Resource for Mining Sequences, Genotypes, and Phenotypes to Accelerate Potato Breeding. *The Plant Genome*, 7(1). doi: 10.3835/plantgenome2013.12.0042
- Hirsch, C. N., Hirsch, C. D., Felcher, K., Coombs, J., Zarka, D., Deynze, A. V., ... Buell, C. R. (2013, jun). Retrospective view of north american potato (*Solanum tuberosum* L.) breeding in the 20th and 21st centuries. *G3 Genes/Genomes/Genetics*, 3(6), 1003–1013. doi: 10.1534/g3.113.005595
- Hoon, S., Ratnapu, K. K., ming Chia, J., Kumarasamy, B., Juguang, X., Clamp, M., ... Stupka, E. (2003, jul). Biopipe: A flexible framework for protocol-based bioinformatics analysis. *Genome Research*, 13(8), 1904–1915. doi: 10.1101/gr.1363103
- Huang, H.-C., Niu, Y., y Qin, L.-X. (2015). Differential Expression Analysis for RNA-Seq: An Overview of Statistical Methods and Computational Software. *Cancer Informatics*, 14s1, CIN.S21631. doi: 10.4137/cin.s21631
- illumina. (2021). *High-impact discovery through gene expression and regulation research*. illumina. Descargado de https://www.illumina.com/on-domain/GM-CPBU-GEX-eBook-Q42016_Landing-Page.html
- Jordan, H. (1984). Experience with pipelined multiple instruction streams. *Proceedings of the IEEE*, 72(1), 113–123. doi: 10.1109/proc.1984.12823
- Kim, S., y Misra, A. (2007). SNP Genotyping: Technologies and Biomedical Applications. *Annual Review of Biomedical Engineering*, 9(1), 289–320. doi: 10.1146/

- Krueger, F., James, F., Ewels, P., Afyounian, E., y Schuster-Boeckler, B. (2021). *Trimalore v0.6.7*. Zenodo. doi: 10.5281/ZENODO.5127899
- Langmead, B., y Salzberg, S. L. (2012, mar). Fast gapped-read alignment with bowtie 2. *Nature Methods*, 9(4), 357–359. doi: 10.1038/nmeth.1923
- La papa. (2008). FAO - Food and Agriculture Organization of the United Nations. Descargado de <https://www.fao.org/potato-2008/es/lapapa/index.html>
- Leinonen, R., Sugawara, H., y and, M. S. (2010, nov). The sequence read archive. *Nucleic Acids Research*, 39(Database), D19–D21. doi: 10.1093/nar/gkq1019
- Leipzig, J. (2016, mar). A review of bioinformatic pipeline frameworks. *Briefings in Bioinformatics*, bbw020. doi: 10.1093/bib/bbw020
- Lemke, P., Moerschbacher, B. M., y Singh, R. (2020, aug). Transcriptome analysis of solanum tuberosum genotype RH89-039-16 in response to chitosan. *Frontiers in Plant Science*, 11. doi: 10.3389/fpls.2020.01193
- Lettre, G., Jackson, A. U., Gieger, C., Schumacher, F. R., y Berndt, S. I. (2008, apr). Identification of ten loci associated with height highlights new biological pathways in human growth. *Nature Genetics*, 40(5), 584–591. doi: 10.1038/ng.125
- Li, F.-W., y Alex, H. (2018, mar). A guide to sequence your favorite plant genomes. *Applications in Plant Sciences*, 6(3), e1030. doi: 10.1002/aps3.1030
- Li, G., Pan, T., Guo, D., y Li, L.-C. (2014). Regulatory variants and disease: the e-cadherin -160c/a SNP as an example. *Molecular Biology International*, 2014. doi: 10.1155/2014/967565
- Li, H. (2011, sep). A statistical framework for SNP calling, mutation discovery, association mapping and population genetical parameter estimation from sequencing data. *Bioinformatics*, 27(21), 2987–2993. doi: 10.1093/bioinformatics/btr509
- Li, H., y Durbin, R. (2009, may). Fast and accurate short read alignment with burrows-wheeler transform. *Bioinformatics*, 25(14), 1754–1760. doi: 10.1093/bioinformatics/btp324
- Liu, B., Kong, L., Zhang, Y., y Liao, Y. (2021, jan). Gene and metabolite integration analysis through transcriptome and metabolome brings new insight into heat stress

- tolerance in potato (*solanum tuberosum* l.). *Plants*, 10(1), 103. doi: 10.3390/plants10010103
- Love, M. I., Huber, W., y Anders, S. (2014, dec). Moderated estimation of fold change and dispersion for RNA-seq data with DESeq2. *Genome Biology*, 15(12). doi: 10.1186/s13059-014-0550-8
- Madroñero, J., Corredor Roza, Z. L., Escobar Pérez, J. A., y Velandia Romero, M. L. (2019). Next generation sequencing and proteomics in plant virology: how is Colombia doing? *Acta Biológica Colombiana*, 24(3), 423–438. doi: 10.15446/abc.v24n3.79486
- Martin, M. (2011, may). Cutadapt removes adapter sequences from high-throughput sequencing reads. *EMBnet.journal*, 17(1), 10. doi: 10.14806/ej.17.1.200
- Massa, A. N., Childs, K. L., Lin, H., Bryan, G. J., Giuliano, G., y Buell, C. R. (2011, oct). The transcriptome of the reference potato genome *solanum tuberosum* group phureja clone DM1-3 516r44. *PLoS ONE*, 6(10), e26801. doi: 10.1371/journal.pone.0026801
- McConeghy, B. W. (2019, Nov). *Setting up a bioinformatics QC pipeline*. Descargado de <https://youtu.be/lrs8WkVdIVg>
- Michael Love, S. A. (2017). *Deseq2*. Bioconductor. doi: 10.18129/B9.BIOC.DESEQ2
- National Human Genome Research Institute. (2019, 03). *Transcriptoma*. Descargado de <https://www.genome.gov/es/about-genomics/fact-sheets/Transcriptoma>
- National Human Genome Research Institute. (2022). *Polimorfismo de nucleótido único (SNP)*. Descargado de <https://www.genome.gov/es/genetics-glossary/Polimorfismos-de-nucleotido-%C3%BAnico>
- Ñústez-López, C. (2011). *Variedades colombianas de papa*. Bogotá: Universidad Nacional de Colombia, Facultad de Agronomía, Red Latinpapa.
- Ñústez-López, C., y Rodríguez-Molano, L. (2020). *Papa criolla (Solanum tuberosum Grupo Phureja): Manual de recomendaciones técnicas para su cultivo en el departamento de Cundinamarca*. Corredor Tecnológico Agroindustrial CTA-2. Descargado de <http://investigacion.bogota.unal.edu.co/visibilidad/publicaciones/manuales-derivado-2/papa-criolla-solanum-tuberosum-grupo-phureja-manual-de-recomendaciones-tecnicas-para-su-cultivo-en-el-departamento>

-de-cundinamarca/

- Parra Pérez, E. M., y Ortiz Arévalo, I. L. (2017, Sep). *Identificación de CYP707A1 en la Síntesis de ABA involucrada en la respuesta por estrés hídrico en un cultivo de papa criolla (Solanum tuberosum grupo Phureja) irradiada con cobalto 60 ubicado en el municipio El Rosal, Finca El Pino Km 16 vía Subachoque, Cundinamarca* (Inf. Téc.). Descargado de <http://hdl.handle.net/11349/6583>
- Petek, M., Zagorščak, M., Ramšak, Ž., Sanders, S., Tomaž, Š., Tseng, E., ... Gruden, K. (2020, jul). Cultivar-specific transcriptome and pan-transcriptome reconstruction of tetraploid potato. *Scientific Data*, 7(1). doi: 10.1038/s41597-020-00581-4
- Pillai, R. (2005, dec). MicroRNA function: Multiple mechanisms for a tiny RNA? *RNA*, 11(12), 1753–1761. doi: 10.1261/rna.2248605
- Pinzón, A., Barreto, E., Bernal, A., Achenie, L., González Barrios, A. F., Isea, R., y Restrepo, S. (2009). Computational models in plant-pathogen interactions: the case of *Phytophthora infestans*. *Theoretical Biology and Medical Modelling*, 6(1). doi: 10.1186/1742-4682-6-24
- Putri, G. H., Anders, S., Pyl, P. T., Pimanda, J. E., y Zanini, F. (2022, mar). Analysing high-throughput sequencing data in python with HTSeq 2.0. *Bioinformatics*, 38(10), 2943–2945. doi: 10.1093/bioinformatics/btac166
- Ramamoorthy, C. V., y Li, H. F. (1977, mar). Pipeline architecture. *ACM Computing Surveys*, 9(1), 61–102. doi: 10.1145/356683.356687
- Riascos Chica, M., Gutiérrez Sánchez, P. A., y Marín Montoya, M. A. (2018). Identificación molecular de Potyvirus infectando cultivos de papa en el oriente de Antioquia (Colombia). *Acta Biológica Colombiana*, 23(1), 39–50. doi: 10.15446/abc.v23n1.65683
- Rodríguez, L. E., y Moreno, P. (2010). Agronomía Colombiana. *Factores y mecanismos relacionados con la dormancia en tubérculos de papa. Una revisión*, 28(2), 189–197. Descargado de <https://revistas.unal.edu.co/index.php/agrocol/article/view/18022>
- Rodríguez, L. E., Ñustez, C. E., y Estrada, N. (2009). Criolla Latina, Criolla Paisa y Criolla Colombia, nuevos cultivares de papa criolla para el departamento de An-

- tioquia (Colombia). *Agronomía Colombiana*, 27(3), 289–303. Descargado de <https://revistas.unal.edu.co/index.php/agrocol/article/view/13204>
- Roy, S., Coldren, C., Karunamurthy, A., Kip, N. S., Klee, E. W., Lincoln, S. E., ... Carter, A. B. (2018, jan). Standards and guidelines for validating next-generation sequencing bioinformatics pipelines. *The Journal of Molecular Diagnostics*, 20(1), 4–27. doi: 10.1016/j.jmoldx.2017.11.003
- Shumway, M., Cochrane, G., y Sugawara, H. (2009, dec). Archiving next generation sequencing data. *Nucleic Acids Research*, 38(suppl_1), D870–D871. doi: 10.1093/nar/gkp1078
- Smith, B. (2016, 03). *Reproducible bioinformatics pipelines using Make*. Descargado de <http://byronjsmith.com/make-bml/>
- The state of food security and nutrition in the world 2020*. (2020). FAO, IFAD, UNICEF, WFP and WHO. doi: 10.4060/ca9692en
- Sánchez Álvarez, E. L., y Baracaldo Pinto, D. M. (2019, Oct). *Análisis de la expresión del Gen CDPK7 y evaluación del Gen EIN2 en papa criolla Solanum Tuberosum Vf. Phureja, (Variedad Criolla Colombiana) Irradiada con Cobalto 60* (Inf. Téc.). Descargado de <http://hdl.handle.net/11349/23235>
- Taiz, L., y Zeiger, E. (2010). *Plant physiology 5th edition sinauer associates*. Inc. Publishunder land Massac husetts.
- Tange, O. (2011, Feb). GNU parallel - the command-line power tool. *The USENIX Magazine*, 36(1), 42-47. doi: 10.5281/ZENODO.16303
- The Potato Genome Sequencing Consortium. (2011, jul). Genome sequence and analysis of the tuber crop potato. *Nature*, 475(7355), 189–195. doi: 10.1038/nature10158
- Tinjacá, S., y Rodríguez, L. (2015). *Catálogo de papas nativas de nariño - colombia*. Bogotá: Mc Gill.
- Tiwari, J. K., Buckseth, T., Singh, R. K., Zinta, R., Saraswati, A., Kumar, M., y Chakrabarti, S. K. (2021, jan). Methylome and transcriptome analysis reveals candidate genes for tuber shape variation in tissue culture-derived potato. *Plant Growth Regulation*, 93(3), 319–332. doi: 10.1007/s10725-020-00690-5
- Tiwari, J. K., Buckseth, T., Zinta, R., Saraswati, A., Singh, R. K., Rawat, S., ... Chakra-

- barti, S. K. (2020, jan). Transcriptome analysis of potato shoots, roots and stolons under nitrogen stress. *Scientific Reports*, 10(1). doi: 10.1038/s41598-020-58167-4
- Universidad Nacional de Colombia. (2014, 09). *Dormancia*. Descargado de https://web.archive.org/web/20140910200052/http://www.virtual.unal.edu.co/cursos/ciencias/2000024/lecciones/cap02/02_04_15.htm
- Valencia, R. A., Lobo Arias, M., y Ligarreto, G. A. (2010, jun.). Estado del arte de los recursos genéticos vegetales en Colombia: Sistema de Bancos de Germoplasma. *Ciencia & Tecnología Agropecuaria*, 11(1), 85–94. Descargado de <http://revistacta.agrosavia.co/index.php/revista/article/view/198> doi: 10.21930/rcta.vol11_num1_art:198
- Veen, A. H. (1986, dec). Dataflow machine architecture. *ACM Computing Surveys*, 18(4), 365–396. doi: 10.1145/27633.28055
- Veramendi, S., y Gabriel, J. (2015). *Selección asistida por marcadores moleculares para resistencia a enfermedades en un programa práctico de mejoramiento genético de papa* (Inf. Téc.). Descargado de https://www.fontagro.org/wp-content/uploads/PROINPA_compendio_2011-2014_ProyectoPAG20.pdf
- Virus del amarillamiento en papa: Una amenaza que se puede controlar*. (2013). Descargado de [https://www.ica.gov.co/periodico-virtual/prensa/2013-\(2\)/virus-del-amarillamiento-de-las-venas-de-la-papa,#:%7E:text=El%20amarillamiento%20de%20las%20venas,de%20vigor%20de%20la%20planta.](https://www.ica.gov.co/periodico-virtual/prensa/2013-(2)/virus-del-amarillamiento-de-las-venas-de-la-papa,#:%7E:text=El%20amarillamiento%20de%20las%20venas,de%20vigor%20de%20la%20planta.)
- Visscher, P. M. (2008, may). Sizing up human height variation. *Nature Genetics*, 40(5), 489–490. doi: 10.1038/ng0508-489
- Weedon, M. N., Lango, H., Lindgren, C. M., Wallace, C., Evans, D. M., Mangino, M., ... Samani, N. J. (2008, apr). Genome-wide association analysis identifies 20 loci that influence adult height. *Nature Genetics*, 40(5), 575–583. doi: 10.1038/ng.121
- Weiß, C. L., Pais, M., Cano, L. M., Kamoun, S., y Burbano, H. A. (2018). nQuire: a statistical framework for ploidy estimation using next generation sequencing. *BMC Bioinformatics*, 19(1). doi: 10.1186/s12859-018-2128-z
- Wratten, L., Wilm, A., y Göke, J. (2021, sep). Reproducible, scalable, and shareable analysis pipelines with bioinformatics workflow managers. *Nature Methods*, 18(10),

- 1161–1168. doi: 10.1038/s41592-021-01254-9
- Yalamanchili, H. K., Wan, Y.-W., y Liu, Z. (2017, sep). Data analysis pipeline for RNA-seq experiments: From differential expression to cryptic splicing. *Current Protocols in Bioinformatics*, 59(1). doi: 10.1002/cpbi.33
- Yizhen, L., Lin, L., y Jun, W. (2011, aug). The application of pipeline technology: An overview. En *2011 6th international conference on computer science & education (ICCSE)*. IEEE. doi: 10.1109/iccse.2011.6028582
- Zabala Pardo, D. M. (2015, Mar). *Efecto de diferentes dosis de radiación gamma (?) sobre la expresión fenotípica en papa criolla (solanum tuberosum grupo phureja, variedad criolla Colombia)* (Inf. Téc.). Descargado de <http://hdl.handle.net/11349/863>
- Zhang, R., Marshall, D., Bryan, G. J., y Hornyik, C. (2013, feb). Identification and characterization of miRNA transcriptome in potato by high-throughput sequencing. *PLoS ONE*, 8(2), e57233. doi: 10.1371/journal.pone.0057233