

Resumen

El cultivo de papa (*Solanum tuberosum* L.) involucra la participación directa e indirecta de cerca de 250 mil personas y se considera el segundo cultivo más relevante en la región Sierra del Ecuador. Actualmente, su producción se ha visto afectada por la enfermedad conocida como Punta Morada de la Papa (PMP), la cual puede generar pérdidas de hasta el 90% de los lotes afectados. Por lo cual, el objetivo de la presente investigación es identificar molecularmente los principales insectos asociados con la PMP en las provincias de Cotopaxi, Pichincha e Imbabura. Para ello, se seleccionaron treinta y cinco insectos pre-identificados como *Bactericera cockerelli*, vector de *Candidatus Liberibacter solanacearum* (CaLso) y potencial vector de fitopatógenos responsables de la PMP y tres insectos identificados morfológicamente como *Tamarixia triozae*, el cual es un enemigo natural de *B. cockerelli*. Se realizaron ensayos de PCR para amplificar el gen COI de los psílicos, detectar la presencia de CaLso e identificar a *T. triozae*. Adicionalmente, con el afán de determinar el haplotipo de una submuestra de 26 psílicos y corroborar la identidad de los 3 presuntos *T. triozae* se analizaron sus secuencias mediante herramientas bioinformáticas. Los resultados determinaron la presencia del haplotipo Central de *B. cockerelli* en el país, la presencia de CaLso en un psílido de la papa y relacionaron la identidad de los 3 insectos pre-identificados como *T. triozae* con la especie del parasitoide *Diglyphus isaea*.

Palabras clave:

- **PSÍLIDO DE LA PAPA**
- **HAPLOTIPOS**
- **FITOPATÓGENOS**
- **ENEMIGOS NATURALES**
- **SECUENCIACIÓN SANGER**

Abstract

Potato cultivation (*Solanum tuberosum* L.) involves the direct and indirect participation of about 250 thousand people and is considered the second most relevant crop in the Sierra region of Ecuador. Currently, its production has been affected by the disease known as potato purple top (PPT), which can generate losses of up to 90% of the affected lots. Therefore, the objective of this research is to molecularly identify the main insects associated with PPT in the provinces of Cotopaxi, Pichincha and Imbabura. For this, we selected thirty-five insects pre-identified as *Bactericera cockerelli*, which is a vector of *Candidatus Liberibacter solanacearum* (CaLso) and a potential vector of phytopathogens responsible for PPT, and three insects morphologically identified as *Tamarixia triozae*, which is a natural enemy of *B. cockerelli*. PCR assays were performed to amplify the COI gene from psyllids, detect the presence of CaLso, and to identify *T. triozae*. Additionally, to determine the haplotype of a subsample of 26 psyllids and to corroborate the identity of the 3 presumed *T. triozae*, their sequences were analyzed using bioinformatic tools. The results determined the presence of the Central haplotype of *B. cockerelli* in the country, the presence of CaLso in a potato psyllid and related the identity of the 3 insects pre-identified as *T. triozae* with the species of the parasitoid *Diglyphus isaea*.

Keywords:

- POTATO PSYLLID
- HAPLOTYPES
- PHYTOPATHOGENS
- NATURAL ENEMIES
- SANGER SEQUENCING