

CARACTERIZACIÓN DE PARIENTES SILVESTRES Y DOMESTICADOS DEL FRÍJOL COMÚN (*Phaseolus vulgaris* L) USANDO HERRAMIENTAS DE PERCEPCIÓN REMOTA

Conejo Diego^{1,2}, Urban Milan¹, Santaella Marcela¹ y Debouck Daniel¹
Programa de Recursos Genéticos – CIAT¹; Facultad de Ciencias Agrarias – Universidad Nacional de Colombia, sede Bogotá²

INTRODUCCIÓN

La caracterización y la evaluación son esenciales para promover el uso de la diversidad e iniciar actividades previas al mejoramiento, lo que permite que los científicos, mejoradores, y especialmente los bancos de germoplasma, tengan una idea clara sobre el potencial de una accesión (Guimaraes *et al*, 2011). La caracterización identifica y describe las características principales que podrían contribuir a la solución de presiones abióticas y bióticas, lo que promueve al uso de parientes silvestres de cultivo adaptados para la supervivencia en entornos afectados por el cambio climático (Redden, 2015). Actualmente, el fenotipado de alto rendimiento (HTPP, *High-Throughput Plant Phenotyping*) captura información detallada y no invasiva, a lo largo del ciclo de vida de la planta en un ambiente determinado (Araus y Cairns, 2014) aunque estas herramientas no han sido exploradas en los recursos genéticos vegetales. El objetivo de este estudio fue realizar la caracterización morfológica y fisiológica del híbrido interespecífico domesticado y parientes de cultivo de frijol común de la misma sección del género (*P. vulgaris*, *P. acutifolius* y *P. parvifolius*) usando herramientas de percepción remota.

METODOLOGÍA

Se evaluaron y caracterizaron las accesiones y parentales G40001 (*P. acutifolius*), G40102 (*P. parvifolius*), G5773 (*P. vulgaris* - ica pijao) y el híbrido interespecífico G52443 (*P. vulgaris* x *P. acutifolius* x *P. parvifolius*). Las condiciones experimentales estuvieron a temperaturas máximas de 39°C en horas del mediodía. Se sembraron cinco (5) plantas por cada accesión y se realizaron tres (3) repeticiones biológicas por variable fisiológica tomada por el sensor proximal MultispeQ (Kuhlgert *et al*, 2016). Finalmente, se determinaron los descriptores morfológicos (Iva *et al*, 2013) a partir del software Image J. En la figura 1 se observan los diagramas de procesamiento de las imágenes, datos fisiológicos y componentes de rendimiento (Peso de vaina (g), peso de semilla por vaina(g), número de semillas e índice de cosecha a nivel de vaina). Por último, al análisis de datos se le realizó un análisis de factores mixtos (FAMD) y agrupación mediante clúster de larga aplicación usando el algoritmo K-medoids realizado en el software libre R.

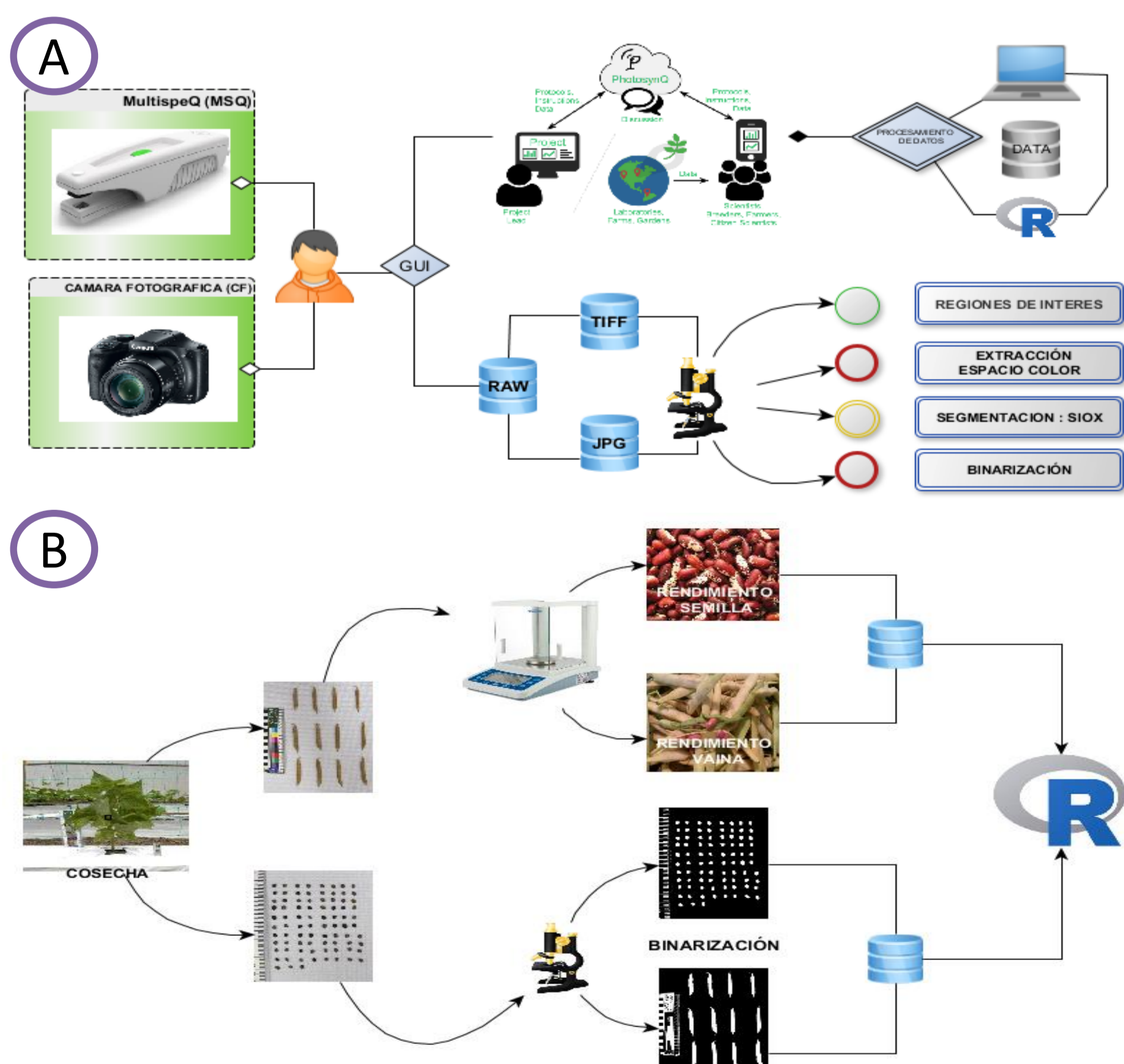


Figura 1. Sensores proximales, adquisición de imágenes y plataformas de procesamiento de datos de la caracterización / evaluación del híbrido interespecífico y sus parentales; (A) Sensores proximales, usuario y plataformas de procesamiento de imágenes, datos fisiológicos y análisis de datos; (B) Procesamiento de datos de semilla y vaina, determinación de los componentes de rendimiento y el análisis de la imagen.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Los rasgos fisiológicos acumulan un porcentaje total de la varianza acumulada abarcando en el primer y segundo componente principal el 72.3%, del mismo modo esto se presenta en los rasgos morfométricos de forma de semilla ventral y componentes de rendimiento (Figura 2). Los rasgos que contribuyen de mayor medida es PAR, Phi2 y PhiNPQ, mientras que en los rasgos morfométricos fueron Área y Feret y peso de semilla por vaina y peso total de vaina son las de mayor importancia.

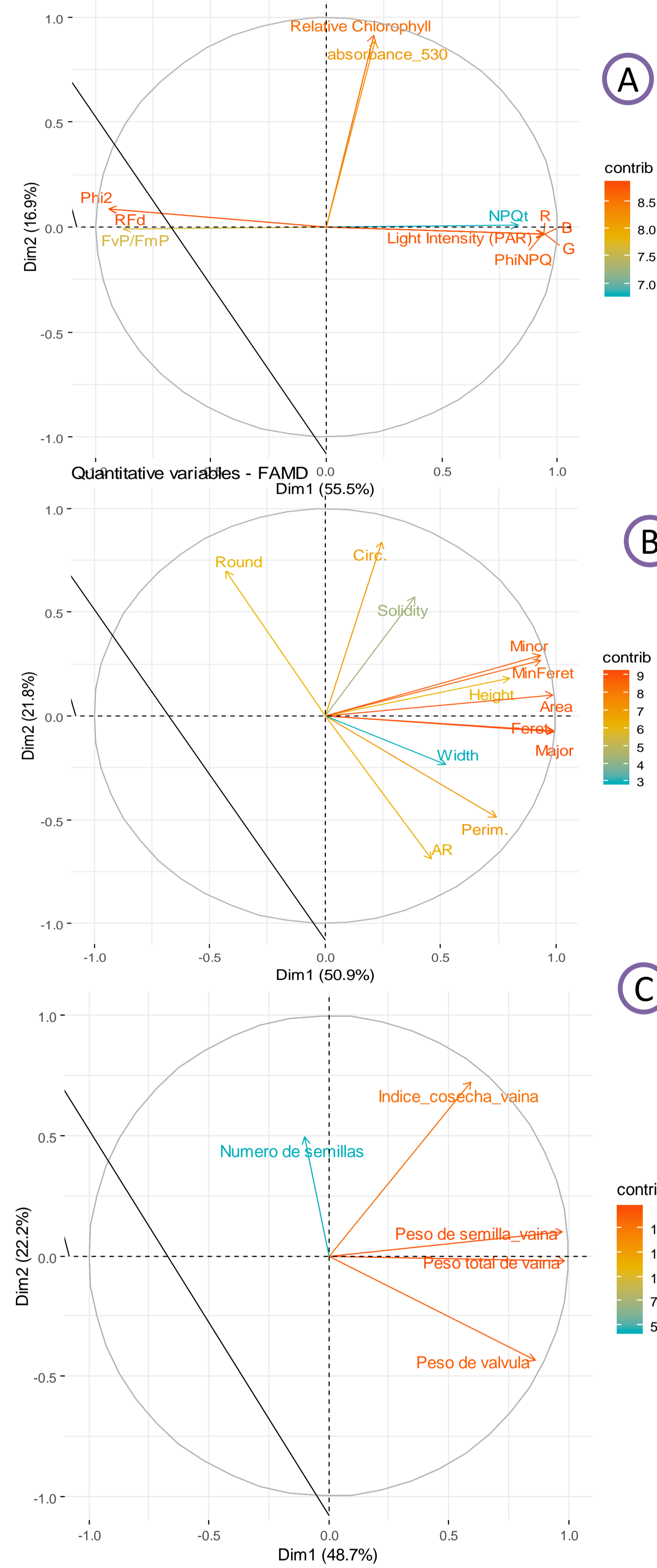


Figura 2. Importancia de contribución del Análisis de Factores Mixtos (FAMD); (A) Contribución de variables fisiológicas, (B) Contribución de variables morfométricas de forma ventral de semilla y (C) Componentes de rendimiento.

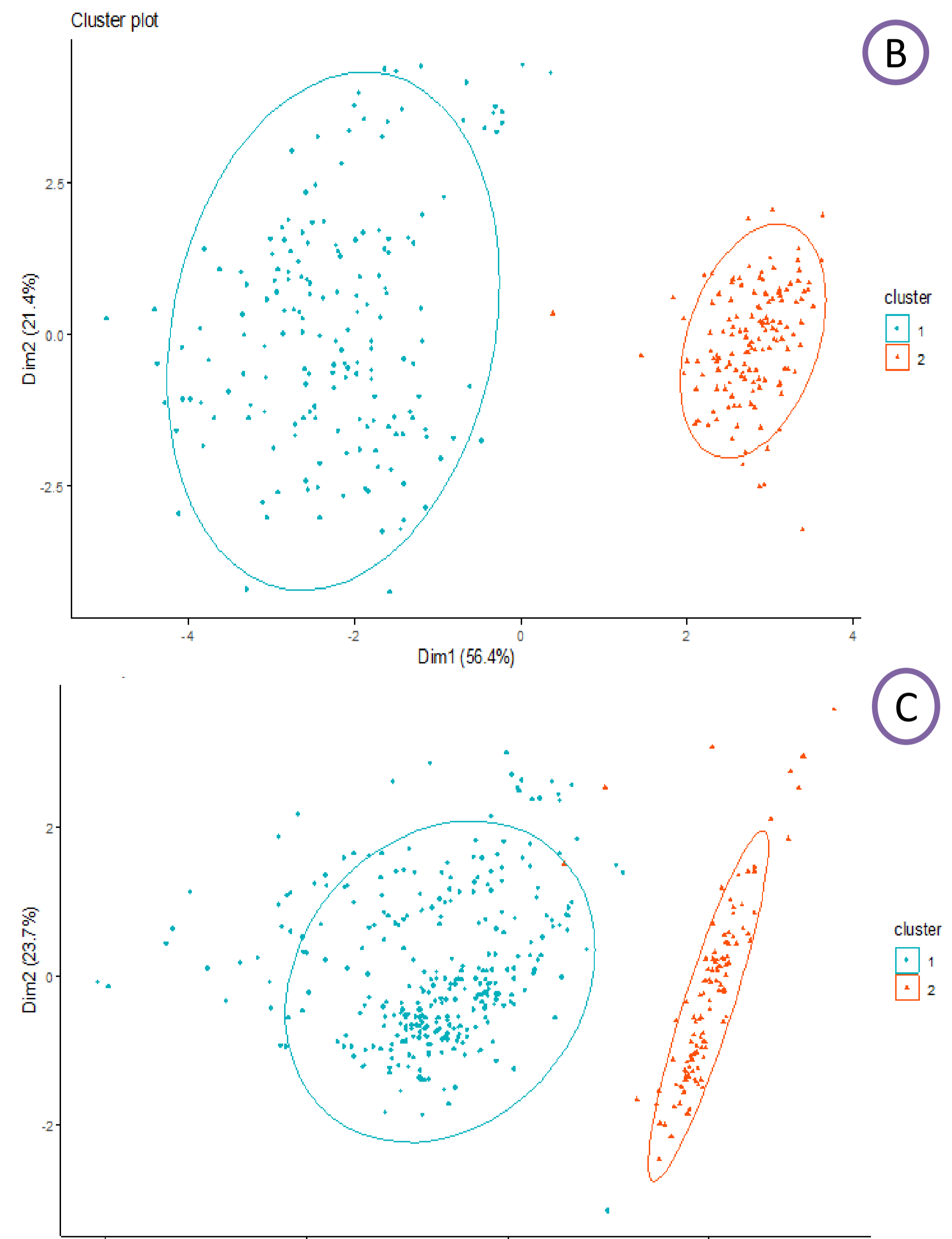


Figura 3. Análisis de agrupación del híbrido interespecífico y sus parentales utilizando el algoritmo K-medoids (A) Rasgos fisiológicos, (B) Rasgos morfométricos y (C) Componentes de rendimiento.

En el análisis de agrupación (Figura 3) se observa que el híbrido interespecífico agrupó los rasgos fisiológicos y los componentes de rendimiento con los parentales G5773 (*P. vulgaris*) y G40001 (*P. acutifolius*) teniendo una mayor similitud hacia parental *P. vulgaris* comprobando el retro cruzamiento realizado, mientras, en comparación con el parental *P. parvifolius* (G40102) que sólo presenta similitudes en forma ventral de semilla observándolo en la segunda agrupación (Figura 3,C); lo que indica que probablemente el híbrido interespecífico conserva estos rasgos del parental silvestre *P. parvifolius*.

CONCLUSIONES

- La caracterización y la similaridad entre parentales e híbridos interespecíficos a partir de nuevas tecnologías de percepción remota abre la posibilidad de integrar rendimiento y precisión con rasgos de interés fisiológico, morfométricos y agronómicos.
- Se comprueba el retrocruzamiento del híbrido interespecífico hacia el fenotipo del parental *P. vulgaris*, lo que indica, que probablemente se tenga un bajo grado de introgresión de los parentales *P. acutifolius* y *P. parvifolius*.

BIBLIOGRAFÍA

1. Araus, J. L., & Cairns, J. E. (2014). Field high-throughput phenotyping: the new crop breeding frontier. *Trends in plant science*, 19(1), 52-61.
2. Guimaraes, E. P., Debouck, D. G., Beebe, S. E., Pompilio Martínez, C., Hershey, C. H., & Ceballos, H. (2011). Pre-breeding: an alternative to add value to the plant genetic resources.
3. Redden, R. (2015). Wild relatives for the crop improvement challenges of climate change: the adaptation range of crops. *Crop Wild Relatives and Climate Change*, 61.
4. Kuhlgert, S., Austic, G., Zegarac, R., Osei-Bonsu, I., Hoh, D., Chilvers, M. I., ... & Kramer, D. M. (2016). MultispeQ Beta: a tool for large-scale plant phenotyping connected to the open PhotosynQ network. *Royal Society open science*, 3(10), 160592.
5. Iva, S., Oscar, G., Marie, B., Martin, P., & Gianfranco, V. (2013). Phenotypic evaluation of flax seeds by image analysis. *Industrial Crops and Products*, 47, 232-238.