

SELECCIÓN COMBINADA EN UN POBLACIÓN DE *Solanum phureja* PARA RESISTENCIA A *Spongospora subterranea* F. SP. *subterranea* y *Phytophthora infestans*

Fecha de recepción: 14 de febrero de 2012 • Fecha de aceptación: 19 de mayo de 2012

COMBINED SELECTION IN A *Solanum phureja* POPULATION FOR RESISTANCE TO *Spongospora subterranea* f. sp. *subterranea* AND *Phytophthora infestans*

Luz Fanny Orozco Orozco¹ • Catalina María Zuluaga Amaya² • José Miguel Cotes Torres^{3,4}

RESUMEN

En los programas de mejoramiento genético frecuentemente es necesario considerar dos o más características de interés en la producción y selección de genotipos avanzados. Así, en el desarrollo de los programas de mejoramiento, además de conocer parámetros genéticos poblacionales tales como la heredabilidad de una característica, es necesario determinar el grado de correlación genética entre varias características, ya que esto determinará las ganancias de selección que se puedan obtener. Los índices de selección combinada son la forma cuantitativa con la que se seleccionan los genotipos cuando se consideran varias características simultáneamente. El objetivo de esta investigación consistió en conocer el grado de correlación genética entre la resistencia a sarna polvosa y gota de la papa en una población de papa criolla y posteriormente realizar la selección combinada de clones por estas características. En las plantas se evaluó la severidad de sarna polvosa en raíces y gota de la papa en hojas, usando escalas diagramáticas. Los resultados muestran que no hay correlación fenotípica, genética familiar ni genética individual para la característica de resistencia entre ambas enfermedades. Así, se aplicó la estrategia de niveles independientes de selección para encontrar los genotipos con mejor resistencia a las dos enfermedades.

Palabras clave: Gota de la papa, Papa criolla, Familias de medios hermanos, Mejoramiento genético de papa, Niveles independientes de selección.

- 1 Estudiante Maestría en Ciencias Agrarias. e-mail: lforozco@unal.edu.co Institución: Universidad Nacional de Colombia - Sede Medellín - Facultad de Ciencias Agrarias - Departamento de Ciencias Agronómicas - Cll. 59A No 63-20 - Núcleo El Volador, Medellín – Colombia.
- 2 I. Agr. MSc. Profesor Asistente. e-mail: catazuluaga81@gmail.com Institución: Politécnico Colombiano Jaime Isaza Cadavid. Facultad de Ciencias Agrarias. Cr 48 No. 7-151 Medellín – Colombia.
- 3 I. Agr. MSc. DSc. Profesor Asociado. e-mail: jmcotes@unal.edu.co Institución: Universidad Nacional Colombia - Sede Medellín - Facultad de Ciencias Agrarias - Departamento de Ciencias Agronómicas - Cll. 59A No. 63-20 - Núcleo El Volador, Medellín – Colombia
- 4 Autor para correspondencia: jmcotes@unal.edu.co

ABSTRACT

In plant breeding is often necessary to consider two or more traits of interest in the production and selection of advanced genotypes. Thus, in the development of plant breeding is important to describe population genetic parameters one of them is the heritability, and it is necessary to determine the genetic correlation among different traits, and in this way determine the selection gain obtained. Combined selection indices are the quantitatively way with which genotypes are selected considering various traits simultaneously. The objective of this study was to determine the genetic correlation between the resistance to powdery scab and late blight in a potato creole population and to perform a combined selection of the best materials. The plants were evaluated for severity of the powdery scab in roots and severity of the late blight in leaves, using a diagrammatic scale. There was no phenotypic, familiar or individual correlation for the resistance characteristic between the two diseases. Independent selection levels strategy was used to find the best genotypes with both resistance to powdery scab and late blight.

Key words: Powdery scab, Late blight, Yellow creole potato, Half-sib families, Potato breeding, Combined selection, Independent selection levels.

INTRODUCCIÓN

Los programas de mejoramiento genéticos en papa comenzaron en 1807 en Inglaterra. Fue durante la segunda mitad del siglo XIX, cuando se dio su pleno apogeo con el intercambio de material genético entre Europa y Norte América. Durante el siglo XX el mejoramiento en papa fue favorecido por la comprensión de la genética y desde 1909 se inicia con la estrategia de la introgresión de genes (Bradshaw y Ramsay, 2009).

El uso de variedades silvestres en programas de mejoramiento en papa ha permitido obtener nuevos cultivares con resistencia a estrés biótico y abiótico. Estas especies resultan compatibles con *Solanum phureja* Juz et Buk, por lo tanto esta última especie sirve de puente para transferir genes especialmente valiosos a variedades comerciales de papa (Estrada, 2002).

Con la selección se busca obtener y aislar grupos de individuos genéticamente mejores que la población original; el progreso genético a través de la selección se puede lograr solo cuando existe diversidad

genética en la población (Estrada, 2000). Este método de mejoramiento es quizás el más antiguo del que se tiene registro y según los historiadores, la agricultura se inicia a partir de la selección de plantas consideradas mejores por los hombres primitivos, los cuales las multiplicaron para su beneficio (Chávez, 1993).

El proceso de selección en papa se inició con la domesticación realizada por los agricultores, quienes seleccionaron tubérculos menos tóxicos, con menores niveles de glicoalcaloides, plantas con longitud de estolones menores, lo que favoreció la concentración de los tubérculos al pie del tallo, plantas con mayor precocidad buscando siempre tubérculos de mejor sabor y mayor tamaño (Rodríguez, 2010).

En papa algunos caracteres tales como forma del tubérculo, color de la piel, color de la pulpa en fresco, profundidad de los ojos, longitud de los estolones y uniformidad de los tubérculos se pueden seleccionar en generaciones tempranas del programa

de mejoramiento. Sin embargo, para los caracteres de tipo cuantitativo como rendimiento, contenido de almidón, contenido de proteínas y en ocasiones resistencia a plagas y enfermedades, la selección de materiales no se puede realizar en etapas tempranas del mejoramiento, puesto que son características altamente dependientes de condiciones ambientales, de la cantidad de material clonal a evaluar y del manejo agronómico (Brown, 2002; Dorozhkin y Cadychev, 2002).

Cuando se hace un énfasis excesivo de resistencia a una sola enfermedad se pueden limitar en gran parte características importantes como resistencia a otros patógenos, rendimiento, contenidos nutricionales y otros caracteres; puesto que se presentan los llamados cuellos de botella en el mejoramiento genético (Bisognin y Douches, 2002). Con la selección combinada se busca reunir en un solo material caracteres de interés, es por esta razón que se considera que con este método de mejoramiento se produce un mayor progreso de los genotipos por ciclo de selección (Estrada, 2000); cuando se hace la selección para varias características en un solo ciclo de cultivo, se reduce el costo de mantenimiento de los clones y también se permite la identificación de parentales genotípicamente superiores que pueden ser usados en otros cruzamientos (Thill y Peloquin, 1995).

Hoy se sabe que la mayoría de variedades comerciales de papa son altamente susceptibles a enfermedades tan limitantes en el cultivo como es el caso de gota de la papa y sarna polvosa. Es por esta razón que se hace necesario que en la selección de genotipos se incluya resistencia a *Phytophthora infestans* (Mont) de Bary y a *Spongospora subterranea* (Wallroth) Lagerheim f. sp. *subterranea* Tomlinson y que sea combinada con características tales como calidad del tubérculo, madurez aceptable y características agronómicas deseadas (Bisognin y Douches, 2002, Gabriel et al., 2007).

Se puede considerar que la selección combinada aumenta la eficiencia del programa de mejoramiento, ya que se puede realizar tempranamente, reducir costos y ganar tiempo en la obtención de variedades (Bisognin y Douches, 2002, Thill y Peloquin, 1995). Sin embargo, se debe tener en cuenta que al aumentar la presión de selección se está perdiendo variabilidad genética, lo que puede resultar altamente lesivo en el tiempo (Martínez, 1999). Además, para la selección de clones superiores de papa es necesario determinar la interacción genotipo por ambiente y la estabilidad fenotípica mediante el análisis de rendimiento-estabilidad (Rodríguez et al., 2009).

Bisognin y Douches (2002) hacen una buena aproximación de cómo consistir un programa de mejoramiento por resistencia genética a *P. infestans* y recomiendan que además de dicha resistencia, es necesario que los materiales que se seleccionen reúnan otras características como son la resistencia a otros patógenos, la calidad del tubérculo, un aceptable período de maduración, además de caracteres agronómicos interesantes, entre los que se pueden mencionar el porte de la planta, resistencia a condiciones de estrés, asimilación continua de nutrientes y la adaptación exitosa a diferentes zonas de vida.

Frecuentemente se encuentra que al seleccionar un carácter deseado, involuntariamente se arrastra otra característica no deseada, por tal motivo resulta importante en el programa de mejoramiento establecer cuál es la correlación que se presenta entre dos características (Poehlman, 2003).

La correlación genética entre caracteres, se deben al efecto de los genes pleiotrópicos y los grupos de genes fuertemente ligados, pero también lo puede ser el ambiente, que puede jugar en la misma dirección de ambos caracteres, de esta manera se puede establecer que existe una correlación ligada a la genética y al ambiente. Es ideal que cuando se seleccione una característica en una planta, el cambio que se produce en los otros rasgos de la planta sean proporcionales,

de tal manera que se llegue a obtener un fenotipo armónico (Pierce, 2010, Cubero, 2003).

El conocimiento del mecanismo fundamental de correlación entre diferentes caracteres es importante para entender si las dos características están ligadas, y basados en esta información, establecer qué estrategias de mejoramiento se seguirán. El objetivo de esta investigación fue estimar si en una población de *S. phureja* existe correlación fenotípica y/o genética para la característica de resistencia a *S. subterranea* f. sp. *subterranea* y *P. infestans* con el fin de realizar la selección combinada de clones por ambas características.

MATERIALES Y MÉTODOS

Localización

La obtención de la semilla verdadera de papa y la obtención de los minitubérculos se desarrolló en el Centro Agropecuario "Paysandú", de La Universidad Nacional de Colombia, Sede Medellín, localizado en el corregimiento de Santa Elena, municipio de Medellín (Antioquia, Colombia), el cual se encuentra ubicado a una altura de 2.550 msnm, con una temperatura media de 14°C y una precipitación promedio anual de 2.000 mm.

La evaluación genética de la resistencia en campo se desarrolló en el municipio de la Unión, Veredas La Cabaña (2512 msnm) y San Juan (2530 msnm) en fincas de agricultores, con registro reciente de alta severidad de la enfermedad. El municipio de la Unión presenta una temperatura promedio de 14 °C y una humedad relativa promedio de 87%.

Material vegetal

Se seleccionaron 75 genotipos no emparentados que son parte de la colección de trabajo de *S. phureja*, de la Universidad Nacional de Colombia, de las cuales

se obtuvo una buena cantidad de bayas o frutos bajo las condiciones agroecológicas de la Estación Agraria Paysandú. La metodología para la extracción, lavado y almacenamiento de la semilla sexual o TPS (*True Potato Seed*) se realizó siguiendo las recomendaciones establecidas por el Centro Internacional de la Papa (CIP) (2010). Los frutos fueron fermentados durante cinco días, tiempo después del cual se lavaron para dejar la semilla libre de cualquier resto de material que llevara a la pérdida de su calidad. Esta semilla se dispuso en bolsas de papel durante cinco días, para retirar el exceso de humedad; transcurrido este tiempo se almacenaron en bolsas de cierre hermético tipo Ziploc hasta el momento de ser usadas.

Con el fin de obtener la semilla pre-básica se preparó un sustrato con una mezcla de suelo y turba en una proporción 3:1 y se dispuso en platos de icopor debidamente rotulados. Dos meses y medio después del establecimiento de los semilleros se inició el trasplante de los genotipos. Estos fueron dispuestos en materos o bolsas plásticas con 1 kg de suelo y fertilizados con 25gr de un fertilizante granulado de grado 10-20-20.

Aproximadamente tres meses después al trasplante se realizó la cosecha de los materiales (Figura 1). Se seleccionaron las familias que presentaron el mayor número de hijos.



Figura 1. Cosecha de minitubérculos de *S. phureja* obtenidos bajo cobertizo.

Establecimiento de experimentos en campo

En cada localidad, se sembraron 49 familias de medios hermanos maternos, siguiendo un diseño en Látxice desbalanceado 7x7, con cuatro repeticiones. La unidad experimental fue constituida por familias con cinco hermanos medios sembrados a una distancia de 0,9 m entre surcos y 0,3 m entre plantas.

Dos de las repeticiones se destinaron a evaluar resistencia a *P. infestans*. Así, para garantizar la presión de inóculo, se colocó un cultivar susceptible a la gota (*S. phureja* cv Criolla Colombia) como borde de cada unidad experimental, además de rodear cada repetición con surcos completos de dicho cultivar. El control de *P. infestans* se realizó durante cuatro semanas después de la siembra tiempo durante el cual las plantas alcanzaron aproximadamente el 30% de

su área foliar, posteriormente no se aplicaron controles químicos ni biológicos para el patógeno.

Las otras dos repeticiones, contenían exactamente los mismos clones y familias en idéntica distribución y se destinaron a evaluar en raíces la resistencia a *S. subterranea* f. sp. *subterranea*. Para ello, en cada unidad experimental se utilizó como borde el cultivar *S. phureja* cv Criolla Colombia, el cual también es susceptible a esta enfermedad.

Evaluación de la resistencia a *P. infestans*

En la población de *S. phureja* establecida en el municipio de La Unión se realizaron lecturas semanales utilizando la escala propuesta por el CIP (Henfling, 1987) (Tabla 1). Estas lecturas se extendieron hasta que los bordes alcanzaron un valor en la escala entre 7 y 9.

Tabla 1. Clave para la evaluación de *P. infestans* en papa bajo condiciones de campo, Tomado de Henfling, 1987.

Valores escala del CIP	<i>P. infestans</i> (%)		Síntomas
	Media	Límites	
1	0		No se observa <i>P. Infestans</i>
2	2,5	Trazas < 5	<i>P. infestans</i> presente. Máximo 10 lesiones por planta
3	10	5 < 15	Las plantas parecen sanas, pero las lesiones se pueden observar fácilmente al observar de cerca. No se observa una área afectada o destruida mayor a 20 foliolos.
4	25	15 < 35	<i>P. infestans</i> se observa con facilidad en las plantas. Alrededor del 25% del área foliar esta cubierto por lesiones o destruido.
5	50	35 < 65	Las plantas lucen verdes, pero todas están afectadas por el patógeno, las hojas inferiores muertas. Alrededor del 50% del área foliar está destruida.
6	75	65 < 85	Las plantas se observan verdes con manchas pardas. Alrededor del 75% de la planta afectada. Las hojas de la mitad inferior de la planta está destruida.
7	90	85 < 95	Las plantas no están predominantemente verdes ni pardas. Solo las hojas superiores están verdes. Muchos tallos tienen lesiones externas.
8	97,5	95 < 100	La planta se ve parda. Unas cuantas hojas superiores aún presentan coloración verde. La mayoría de los tallos están lesionados o muertos.
9	100		Todas las hojas y los tallos están muertos.

Se analizaron los valores medios (marca de clase) del porcentaje de severidad de la enfermedad y se calculó el Área Bajo la Curva de Progreso de la Enfermedad (ABCPE), tal como lo descrito por el CIP (2010). Se obtuvo el ABCPE relativa con el cociente entre el ABCPE y el ABCPE máximas posible, asumiendo un genotipo completamente susceptible desde el principio de las evaluaciones. La selección de resistencia a tizón tardío fue hecha en el sentido inverso, es decir entre menor ABCPE relativa mayor el grado de resistencia del genotipo.

Evaluaciones de la resistencia a *S. subterranea* f. sp. *subterranea*

Cuando las parcelas alcanzaron el 60% de la floración total, se realizó la evaluación del daño producido por la sarna polvosa en raíces utilizando la escala diagramática propuesta por Álvarez et al. (2001) y modificada por González et al. (2009) (Figura 2).

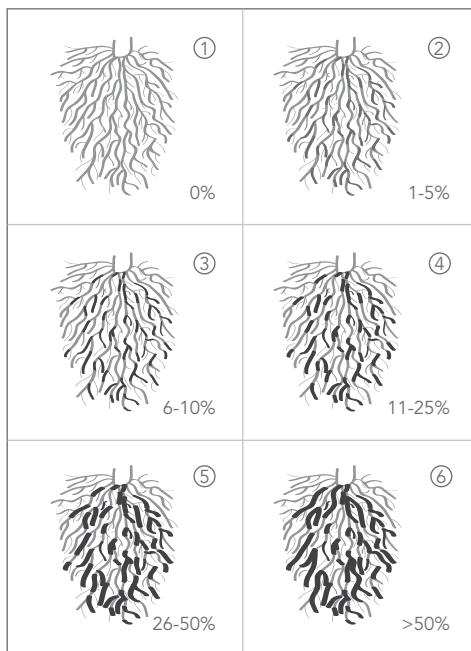


Figura 2. Escala de evaluación para la severidad de la sarna polvosa en raíces. Tomado de Álvarez y Rojas (2001) modificada por González et al. (2009).

Las plantas que resultaron asintomáticas, según la evaluación visual en campo, se evaluaron en el laboratorio para la detección de la presencia o ausencia del patógeno, observando al microscopio segmentos de raíz y con pruebas moleculares usando PCR.

El material para evaluar al microscopio fue lavado con agua corriente para eliminar restos de suelo y posteriormente se sumergió en una solución de azul de tripano al 0,05% y se colocó durante 10 minutos al baño maría. Una vez realizada la tinción se montaron las placas y se realizaron observaciones bajo microscopio de luz.

Las pruebas de PCR múltiple se utilizaron para detectar la presencia de *S. subterranea* f. sp. *subterranea* en plantas asintomáticas en las cuales no se encontraron estructuras del patógeno observando al microscopio, con el fin de determinar por esta metodología molecular la presencia o ausencia del patógeno en la raíz.

Se hizo la extracción de ADN de raíces siguiendo la metodología del CTAB propuesta por Doyle y Doyle (1990), la cual consistió en utilizar un buffer de extracción (700 mM NaCl; 50 mM Tris HCl pH 8.0; 10 mM EDTA; 2% P/V de CTAB y 1% mercaptoetanol). Posteriormente se realizó el lavado de la fase orgánica con fenol:cloroformo y la precipitación de los ácidos nucleicos con dos volúmenes de alcohol absoluto y Acetato de Sodio 3M. Finalmente el pellet generado fue disuelto en agua destilada estéril.

La PCR se realizó utilizando dos pares de primers específicos (ambos amplían la región ITS del ADNr), Spo8 (5' CTG GGT GCG ATT GTC TGT TG 3') y Spo9 (5' CAC GCC AAT GGT TAG AGA CG 3') diseñados por Bulman y Marshall (1998), para amplificar la región de ADNr de 390pb y los primers SsF (5' GTC GGT TCT ACC GGC AGA CC 3') y SsR (5' GCA CGC CAA TGG TTA GAG ACG 3') diseñados por Qu et al. (2006) para amplificar una región del ADNr de 434 pb. Las reacciones de PCR incluirán 0.5 µM de cada primer, 1 U de Taq DNA polimerasa recombinante

(Fermentas, Vilnius, Lithuania), 0.2 mM de cada dNTP, 1X de buffer de enzima (100 mM Tris-HCl (pH 8.8), 1.8 mM MgCl₂, 1 μL de DNA y un volumen total de 25 μL. Las reacciones de PCR incluyeron 0,5 μM de cada *primer*, 1 U de Taq DNA polimerasa recombinante (Fermentas, Vilnius, Lithuania), 0.2 mM de cada dNTP, 1X de buffer de enzima (100 mM Tris-HCl (pH 8.8), 1.8 mM MgCl₂, 1 μL de DNA y un volumen total de 25 μL. Las amplificaciones se realizaron en un termociclador T3 (Biometra, Alemania) con una desnaturalización inicial a 98°C por 3 min, seguida por 40 ciclos de 94°C por 0.5 min, 57°C por 30 seg, 72°C por 1 min y un período final de extensión a 72°C por 10 min. Luego de la amplificación, se tomaron 5 μL de los productos de reacción y se separaron por electroforesis en gel de agarosa al 1.5%, adicionando con 5 μL de EZ VISION (10 mg mL⁻¹). La visualización de las bandas se realizó bajo luz ultravioleta utilizando el sistema digital de análisis Bio Doc Analyze (Biometra).

Análisis estadístico

En cada localidad, para la obtención de los componentes de varianza que permiten calcular la heredabilidad de la característica de resistencia la gota y la sarna polvosa se utilizó un modelo genético aditivo lineal multivariado (Sorensen y Gianola, 2002) de la siguiente forma:

$$\begin{bmatrix} y_1 \\ y_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 1 & 0 \\ 0 & 1 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \mu_1 \\ \mu_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} Q_1 & 0 \\ 0 & Q_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} f_1 \\ f_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} W_1 & 0 \\ 0 & W_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} h_1 \\ h_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} Z_1 & 0 \\ 0 & Z_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} b_1 \\ b_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} e_1 \\ e_2 \end{bmatrix}$$

Donde los subíndices 1 y 2 representan las variables resistencia a *P. infestans* y a *S. subterranea* f. sp. *subterranea*, respectivamente. Asimismo, en cada característica, **y** es el vector de observaciones de tamaño n de la variable incidencia de la enfermedad; μ es la media general de la incidencia de la enfermedad; **f** es el vector de efectos genéticos de

las familias; **h** es el vector de efectos genéticos de hermanos medios; y **b** es un vector de efectos ambientales asociado a los bloques incompletos. Las matrices de incidencia **Q**, **W** y **Z** localizan el valor de los efectos correspondiente a cada dato observado.

Para este modelo se asume que:

$$\begin{bmatrix} f_1 \\ f_2 \end{bmatrix} \sim N \left(\begin{bmatrix} 0 \\ 0 \end{bmatrix}, \begin{bmatrix} \sigma_{f_1}^2 & \sigma_{f_{12}} \\ \sigma_{f_{12}} & \sigma_{f_2}^2 \end{bmatrix} \otimes I_f \right)$$

$$\begin{bmatrix} h_1 \\ h_2 \end{bmatrix} \sim N \left(\begin{bmatrix} 0 \\ 0 \end{bmatrix}, \begin{bmatrix} \sigma_{h_1}^2 & \sigma_{h_{12}} \\ \sigma_{h_{12}} & \sigma_{h_2}^2 \end{bmatrix} \otimes I_h \right)$$

$$\begin{bmatrix} b_1 \\ b_2 \end{bmatrix} \sim N \left(\begin{bmatrix} 0 \\ 0 \end{bmatrix}, \begin{bmatrix} \sigma_{b_1}^2 & \sigma_{b_{12}} \\ \sigma_{b_{12}} & \sigma_{b_2}^2 \end{bmatrix} \otimes I_b \right)$$

$$\begin{bmatrix} e_1 \\ e_2 \end{bmatrix} \sim N \left(\begin{bmatrix} 0 \\ 0 \end{bmatrix}, I_e \otimes \begin{bmatrix} \sigma_{e_1}^2 & \sigma_{e_{12}} \\ \sigma_{e_{12}} & \sigma_{e_2}^2 \end{bmatrix} \right)$$

donde **I** indica la matriz identidad del tamaño apropiado para cada efecto. Para la estimación de los parámetros se utilizó la metodología de estimación bayesiana, obteniendo como estimativa la mediana de la distribución a *posteriori*, que es aquel valor que minimiza el riesgo de bayes bajo la función de pérdida absoluta. Para todos los parámetros se utilizaron distribuciones a *priori* no informativas (Sorensen y Gianola, 2002). Para el análisis de los datos se utilizó el programa R (R Development Core Team, 2012) con el paquete MCMCglmm (Hadfield, 2010), el cual implementa el algoritmo de GIBBS para ser usado en este tipo de modelos. Se obtuvo una cadena de Markov de 1.030.000 de la distribución a

posteriori conjunta de cada parámetro, considerando las primeras 10.000 iteraciones como período de *burn-in*, y para la obtención de los valores de las distribuciones marginales de cada parámetro se consideró tomar una muestra de cada 10 generadas.

Asimismo, con base en los valores obtenidos en la cadena de Markov, se estimó la correlación genética a nivel familiar e individual mediante la expresión:

$$\text{Correlación familiar} = \frac{\sigma_{f12}}{\sqrt{\sigma_{f1}^2 \times \sigma_{f2}^2}}$$

$$\text{Correlación individual} = \frac{\sigma_{h12}}{\sqrt{\sigma_{h1}^2 \times \sigma_{h2}^2}}$$

Finalmente la correlación fenotípica se calculó mediante el coeficiente de correlación de Pearson utilizando los valores originales para cada una de las características.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

No se presentó correlación fenotípica para la respuesta de resistencia a sarna polvosa y gota de la papa en la población de *S. phureja* evaluada (Figura 3). Es decir, los resultados del avance de la enfermedad producida por *P. infestans* en hoja no correlacionaron con el daño producido por *S. subterranea* f. sp. *subterranea* en raíz, en ambos ambientes evaluados en el municipio de La Unión.

La correlación fenotípica es una función de dos componentes que son la correlación genética y la correlación ambiental. En la primera se determina que las dos características están ligadas genéticamente y en la segunda, que unas condiciones ambientales bióticas o abióticas en particular direccionen la expresión fenotípica de dos características y estas se correlacionen positiva o negativamente (Pierce, 2010).

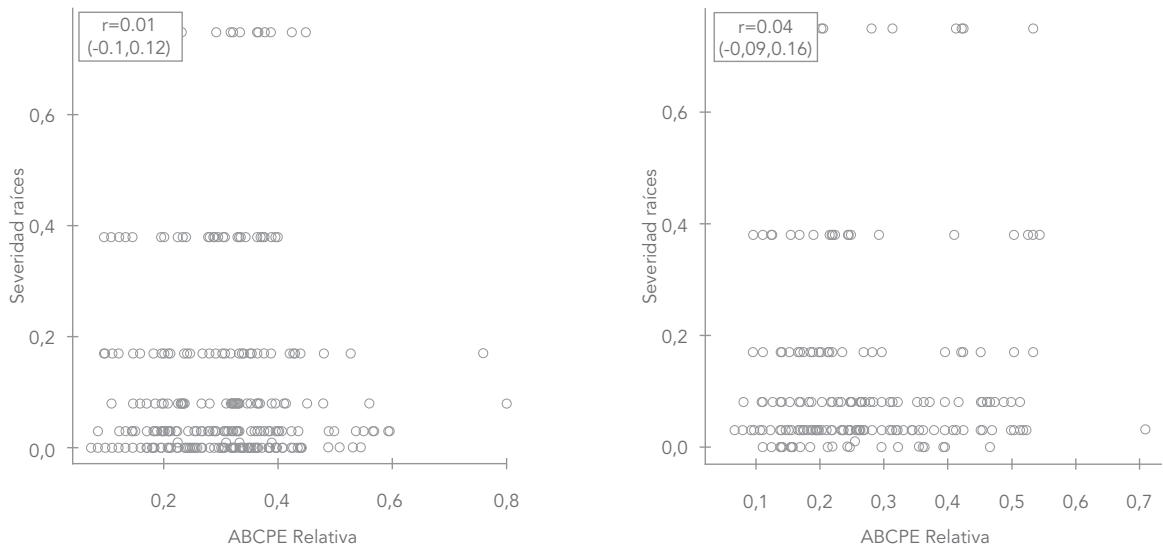
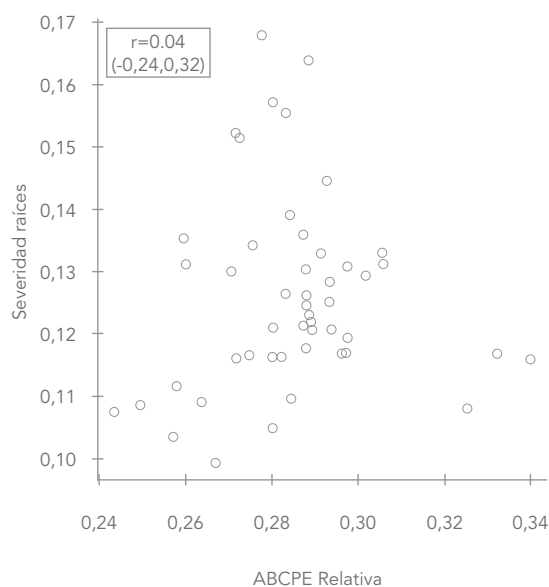


Figura 3. Correlación lineal de Pearson y su intervalo de alta densidad a posteriori de 95% para el valor fenotípico entre características de resistencia a *P. infestans* y *S. subterranea* f. sp. *subterranea* en una población de *S. phureja* estimada en la vereda la Cabaña (Figura 3A) y la vereda San Juan (Figura 3B) en el municipio de La Unión Antioquia.

Teniendo en cuenta lo anterior, se pueden establecer dos hipótesis del por qué no se presenta correlación fenotípica en la población de *S. phureja* en este estudio. La primera es que exista correlación genética pero el efecto ambiente va en sentido opuesto, por lo que la correlación fenotípica total es nula. La otra posibilidad es que ninguna de las dos exista.



Ahora cuando se evaluó la correlación genética a través de los individuos o las familias, se encontró que no hay asociación en la respuesta de resistencia a *P. infestans* y *S. subterranea* f. sp. *subterranea* en la población evaluada (Figura 4 y Figura 5). De esta manera si se seleccionan familias o individuos con una respuesta de resistencia a *S. subterranea* f. sp. *subterranea*, no necesariamente estas mismas familias o individuos presentaran la característica de resistencia a *P. infestans*.

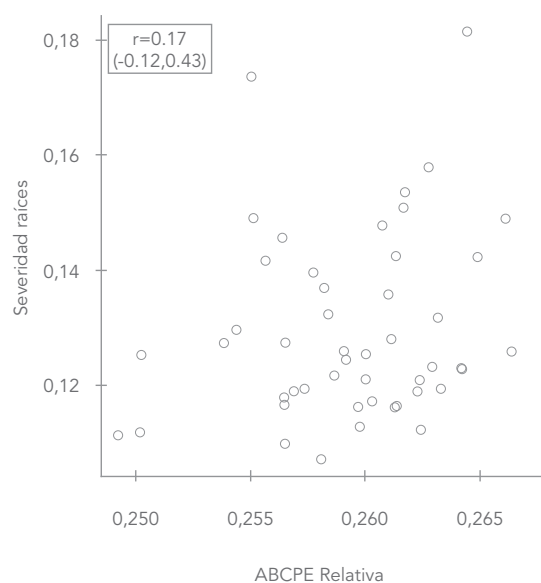


Figura 4. Correlación lineal de Pearson y su intervalo de alta densidad a posteriori de 95% para el valor familiar entre características de resistencia a *P. infestans* y *S. subterranea* f. sp. *subterranea* en una población de *S. phureja* estimada en la vereda La Cabaña (Figura 4A) y la vereda San Juan (Figura 4B) en el municipio de La Unión Antioquia.

Al no presentarse correlación genética ni fenotípica, entonces se descarta la presencia de correlación ambiental. Esto indica que, en el caso de la presente investigación no hay un ambiente donde se pueda seleccionar favorablemente las dos características simultáneamente, al igual que un genotipo puede contener o no la resistencia para una o ambas características, y en

términos poblaciones, la respuesta a la selección es independiente.

Cruz y Caneiro (2003) y Falconer y Macray (1996) explican que cuando se desea realizar selección de características no correlacionadas (Figura 5) la mejor estrategia es seleccionar en tandem o por niveles independientes de selección. Así, por ejemplo, en el método de selección en tandem se

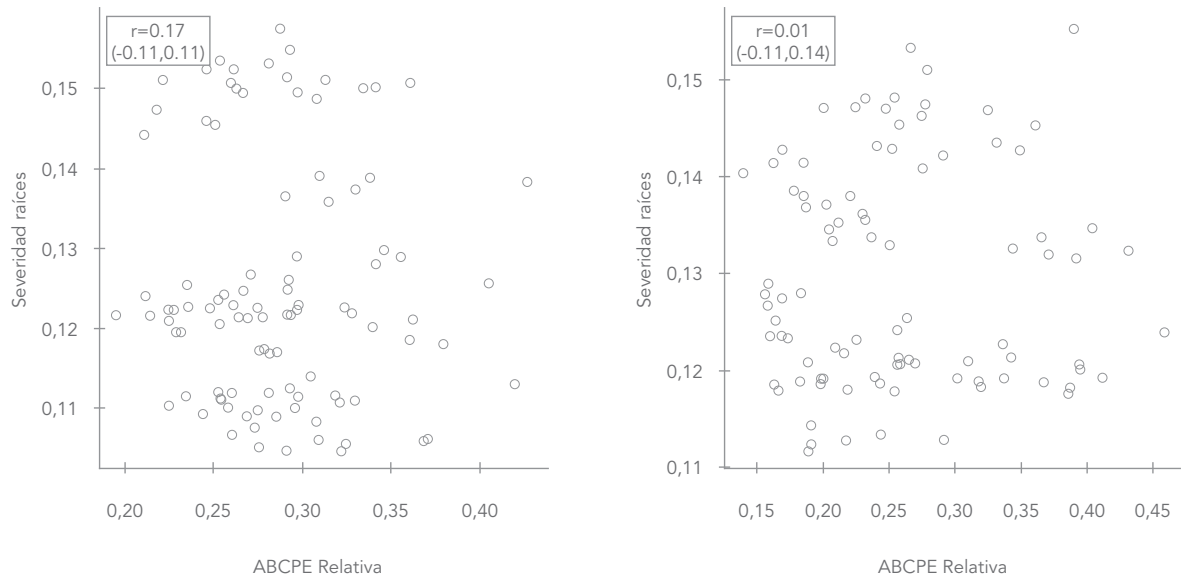


Figura 5. Correlación lineal de Pearson y su intervalo de alta densidad a posteriori de 95% para el valor individual entre características de resistencia a *P. infestans* y *S. subterranea* f. sp. *subterranea* en una población de *S. phureja* estimada en la vereda la Cabaña (Figura 5A) y la vereda San Juan (B) en el municipio de La Unión Antioquia.



Figura 6. Clones seleccionados como materiales promisorios en la vereda San Juan siguiendo el esquema de niveles independientes selección. A Genotipo 69 última evaluación de gota 4 y evaluación de sarna polvosa 1. B. Genotipo 142 última evaluación de gota 4 y evaluación de sarna polvosa 1.

realiza en un ciclo de cultivo la selección de las mejores familias o individuos que presenten resistencia a *S. subterranea* f. sp. *subterranea* y en el siguiente ciclo se seleccionan las más resistentes a *P. infestans* hasta llegar a obtener los materiales deseados. En la selección por niveles independientes en un solo ciclo de cultivo se seleccionan las familias o individuos con mayor resistencia a *S.*

subterranea f. sp. *subterranea* y a *P. infestans*, de manera independiente.

Siguiendo la metodología de niveles independientes de selección se seleccionaron clones promisorios para el programa de mejoramiento (Figura 7 y Figura 6) los cuales seguirán siendo evaluados en un mayor número de ambientes con el fin de seguir observando su comportamiento.



Figura 7. Clones seleccionados como materiales promisorios en la vereda La Cabaña siguiendo el esquema de niveles independientes selección. A) Genotipo 116 última evaluación de gota 4 y evaluación de sarna polvosa 1. B) Genotipo 127,8 última evaluación de gota 4 y evaluación de sarna polvosa 2. C) Genotipo 127,9 última evaluación de gota 4 y evaluación de sarna polvosa 2. D) Genotipo 131 última evaluación de gota 5 y evaluación de sarna polvosa 2.

Esta investigación encontró que no existe correlación fenotípica ni genética entre la resistencia a sarna polvosa y gota de la papa en la población de papa criolla bajo estudio, por lo que cada carácter debe mejorarse de forma independiente.

AGRADECIMIENTOS

Esta investigación fue financiada a través de los proyectos 20101008596 - Jóvenes Investigadores 2009, el cual fue cofinanciado por COLCIENCIAS y la Universidad Nacional de Colombia Sede Medellín, y 20101008002 - Evaluación fenotípica y genotípica de la colección colombiana de *Solanum phureja* por resistencia a *Spongospora subterranea* Fase II, financiado por la Vicedecanatura de Investigación y Extensión de la Facultad de Ciencias Agrarias. La presente investigación se desarrolló en los Laboratorios

de Sanidad Vegetal del Politécnico Colombiano Jaime Isaza Cadavid, y de Mejoramiento Genético de Plantas de la Facultad de Ciencias Agrarias de la Universidad Nacional de Colombia Sede Medellín. Los autores expresan sus agradecimientos a los integrantes de los grupos de investigación de Mejoramiento y producción de Especies Andinas y Tropicales (COL0039484) y al Grupo de Investigación en papa (COL0010065), que aportaron el recurso humano para desarrollar esta investigación.

BIBLIOGRAFÍA

1. Álvarez C., Rojas C. 2001. Evaluación de los efectos del cinc sobre la sarna polvosa en raíces de papa de la variedad Diacol Capiro. Tesis de grado para optar al título de Ingeniero Agrónomo. Universidad Nacional de Colombia Sede Medellín. Facultad de Ciencias Agropecuarias.
2. Bisognin D., Douches D. 2002. Early generation selection for potato tuber quality in progenies of late blight resistant parents. *Euphytica* 127. 1- 9.
3. Bradshaw J. E., Ramsay G. 2009. Potato Origin and Production. Parte de *Advances in Potato Chemistry and Technology*. Editado por: Jaspreet Singh y Lovedeep Kaur. Derechos reservados de Elsevier Inc. Disponible en: <http://www.rlc.fao.org/es/agricultura/produ/papa.htm> Consulta: Marzo de 2011.
4. Brown J. 2002. The efficiency of early generation selection. Parte de: *The production of new potato varieties: Technological advances*. Cambridge University. 72- 74.
5. Bulman S.R., Marshall J.W. 1998. Detection of *Spongospora subterranea* in potato tuber lesions using the polymerase chain reaction (PCR). *Plant Pathology* 47: 759–766.
6. CIP 2010. Procedimientos para pruebas de evaluación estándar de clones avanzados de papa. Lima, Perú.
7. Cruz C.D., Carneiro P. C. 2003. Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético Vol 2. Viçosa, Universidade Federal de Viçosa (UFV). 585 p.
8. Cubero J. I. 2003. Introducción a la mejor genética vegetal. Editorial Mundi-prensa. Madrid, España.
9. Chávez J. L. 1993. Mejoramiento de plantas 1. Editorial Trillas. México.
10. Dorozhkin B., Cadychegov B. 2002. Problems associated with generation selection of potato clones in west Siberia. Parte de: *The production of new potato varieties: Technological advances*. Cambridge University. 72- 74.

11. Doyle J. J., Doyle J. L. 1990. Isolation of plant DNA from fresh tissue. *Focus* 12: 13–15.
12. Estrada N. 2000. La biodiversidad en el mejoramiento genético de papa. Editorial Centro de Información para el Desarrollo. La Paz, Bolivia.
13. Estrada N. 2002. Utilizing wild potato species via *Solanum phureja* crosses. Parte de: The production of new potato varieties: Technological advances. Cambridge University. 229 – 230.
14. Falconer D. S., Mackay T. 1996. Introduction to quantitative genetics. 4th edition. England: Longman. 464 pp
15. Gabriel J., Forqueda F., Plata G., Fernández E. 2007. Caracterización de genotipos de papa de Europa y Latinoamérica por resistencia a tizón y propiedades culinarias. *Revista Latinoamericana de la Papa*. 14(1): 10-23
16. González E. P., Zuluaga C. M., Morales J.G., Marín, M. A. 2009. Informe técnico de investigación proyecto "Evaluación fenotípica y genotípica de la colección de *Solanum phureja* por su resistencia a *Spongospora subterranea* f. *sp subterranea*". Universidad Nacional de Colombia y Politécnico Colombiano Jaime Isaza Cadavid 12p.
17. Hadfield J.D. 2010. MCMC Methods for Multi-Response Generalized Linear Mixed Models: The MCMCglmm R Package. *Journal of Statistical Software* 33: 1-22.
18. Henfling J. W., 1987. El tizón tardío de la papa: *Phytophthora infestans*. *Boletín de Información Técnica* 4. CIP, Lima.
19. Martínez O. 1999. Conceptos y principios de genética cuantitativa con aplicación al mejoramiento de especies vegetales. Universidad Nacional de Colombia dese Bogotá. Santafé de Bogotá, Colombia.
20. Pierce B. 2010. Genética un enfoque conceptual. 3ra Edición. Editorial Médica Panamericana. Madrid, España. P. 665 – 669.

21. Poehlman J. M. 2003. Mejoramiento genético de las cosechas. Segunda edición. Editorial Limusa. México.
22. Qu X., Kavanagh, J. A., Egan D., Christ B. 2006. Detection and quantification of *Spongospora subterranea* n f. sp. *subterranea* by PCR in host tissue and naturally infested soil. American Journal of Potato Research 83: 21-30.
23. Rodríguez L. E., Ñustez C. E., Estrada N. 2009. Criolla Latina, Criolla Paisa y Criolla Colombia, nuevos cultivares de papa criolla para el departamento de Antioquia (Colombia). Revista Agronomía Colombiana. 27: 289 – 303.
24. Rodríguez L. E. 2010. Teorías sobre la clasificación taxonómica de las papas cultivadas (*Solanum* L. sect. *Petota* Dumort.). Una revisión. Agronomía Colombiana 27: 305-312.
25. Sorensen D., Gianola D. 2002. Likelihood, Bayesian, and MCMC Methods in Quantitative Genetics. First Edition. Springer-Verlag, New York.
26. R Development Core Team. 2012. R: A Language and Environment for Statistical Computing. R Foundation for Statistical Computing. Vienna, Austria. <http://www.R-project.org/>
27. Thill C. A.; Peloquin S. J. 1995. A breeding method for accelerated development of cold chipping clones in potato. Euphytica 84. 73–80.