

GANANCIA GENÉTICA ESPERADA DE LA RESISTENCIA A SARNA POLVOSA EN UNA POBLACIÓN DE PAPA CRIOLLA

Fecha de recepción: 27 de Julio de 2012 • Fecha de aceptación: 14 de octubre de 2012

ESTIMATIVE OF GENETIC ADVANCE FOR THE RESISTANCE TO POWDERY SCAB IN COLOMBIAN CREOLE POTATO.

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

RESUMEN

La sarna polvosa de la papa causada por el patógeno *Spongopora subterranea* (Wallr) Lagerh f. sp. *subterranea* Tomlinson es una de las enfermedades más limitantes del cultivo de papa. El mejoramiento genético se presenta como un componente importante del manejo integrado del patógeno. El objetivo de este estudio fue estimar la heredabilidad de la resistencia a sarna polvosa en una población de *Solanum phureja* a través de 49 familias de medios hermanos, obtenidos a través de polinización abierta. Ésta investigación se desarrolló en dos veredas del municipio de la Unión (Antioquia), en la cual, se evaluó la severidad de la enfermedad en raíces, utilizando una escala diagramática de severidad. La heredabilidad depende de la población en estudio y de la unidad de selección que se utilice. Así, la heredabilidad se evaluó bajo los métodos de selección entre familias, entre y dentro de familias, masal estratificada y masal simple. No se presentaron diferencias estadísticamente significativas entre las heredabilidades obtenidas para los diferentes métodos de selección, ni entre las localidades, variando la estimación de la heredabilidad en sentido estrecho entre 0,11 y 0,29.

Palabras claves: *Spongopora subterranea* f.sp. *subterranea*, *Solanum phureja*, Familias de medios hermanos, Mejoramiento Genético de papa, Dependencia Espacial.

- 1 Estudiante Maestría en Ciencias Agrarias. e-mail: iforozco@unal.edu.co Institución: Universidad Nacional de Colombia - Sede Medellín - Facultad de Ciencias Agrarias - Departamento de Ciencias Agronómicas - Calle 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 Universidad 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 - Calle 59A No 63-20 - Núcleo El Volador, Medellín – Colombia
- 4 Autor para correspondencia: jmcotes@unal.edu.co

ABSTRACT

Powdery scab is a disease caused by the pathogen *Spongopora subterranea* (Wallr) Lagerh f. sp. *subterranea* Tomlinson. This pathogen is one of the most limiting potato diseases. Plant breeding searching resistant plants is an important tool for an integrated disease management. The objective of this study was to determine the resistance heritability to powdery scab of potato in a *Solanum phureja* population through 49 half-sib families, obtained by open-pollinization. This research took place in two farms near to La Unión (Antioquia, Colombia). The plants were evaluated for severity of the pathogen in roots, using a diagrammatic scale. The heritability depended on both population and unit selection used. Heritability was tested with different methods, between families, within families and using stratified mass and simple mass selection. There were not statistically significant difference among the heritability from the different selection methods or the different locations, the estimates of the heritability were between 0.11 and 0.29.

Key word: *Spongopora subterranea* f.sp. *subterranea*, *Solanum phureja*, Half-sib families, Potato breeding, Spatial dependence.

INTRODUCCIÓN

Para Colombia la papa criolla *S. phureja* es uno de los recursos genéticos de mayor importancia, esto se considera su alto valor nutricional, cualidades culinarias, economía y su alto potencial de exportación como producto exótico (Porrás, 2000); cuenta con un buen cruzamiento con otros cultivares de papa debido a su naturaleza silvestre (Burgos *et al.*, 2009) y es utilizada en los programas de mejoramiento genético como un puente para transferir caracteres de resistencia (Evers *et al.*, 2006). Es una planta que se ha caracterizado por la adaptación a días cortos, y por ser una especie diploide ($2n=2x=24$), además de tener poco tiempo de dormancia del tubérculo (Ghislain *et al.*, 2006).

En Colombia se ha venido presentando con mucha agresividad en las diferentes zonas paperas una enfermedad denominada sarna polvosa de la papa, la cual se ha observado afectando tubérculos y raíces de las variedades DIACOL Capiro, Parda Pastusa, ICA-Puracé y criollas de la especie *S. phureja*

(Jaramillo *et al.*, 2003). La sarna es producida por *Spongopora subterranea* f. sp. *subterranea* un parásito intracelular que produce plasmodios que infectan tanto el sistema radical de la planta de papa así como los tubérculo; además el patógeno puede ser un vector del virus mop-top (PMTV) el cual reduce significativamente el crecimiento de las plantas e induce a que se produzca en ella una necrosis interna (Qu y Christ, 2006).

Cuando *S. subterranea* f. sp. *subterranea* afecta el sistema radical de las plantas de papa se da el necrosamiento del tejido además de deformaciones, por lo que se presume que posiblemente la acción del patógeno lleva a la reducción de la absorción de nutrientes y de agua y se afecta la traslocación de fotoasimilados hacia el tubérculo, de tal manera que se reduce en gran medida el peso del tubérculo y por tanto el rendimiento del cultivo (Nitzan *et al.*, 2008).

La resistencia del hospedero es quizá la estrategia más eficiente para evitar la propagación y

acumulación de la enfermedad en el campo (Merz et al., 2004); aunque poco se sabe sobre la genética básica de resistencia a esta enfermedad (Nitzan et al., 2010). Es por esta razón que se ha planteado el mejoramiento genético como una alternativa a nivel mundial para el manejo de esta enfermedad; los trabajos pioneros se han realizado en Australia y Bolivia (Torres et al., 1995., Falloon et al., 2003., Qu y Christ, 2006).

El objetivo de este estudio fue estimar la heredabilidad en sentido estrecho y la ganancia genética esperada de la característica de resistencia a sarna polvosa en una población de papa criolla, mediante la evaluación de 49 familias de medios hermanos obtenidas bajo un sistema de libre polinización.

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 msmn) y San Juan (2530 msnm), durante el segundo semestre del 2010, 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 tomaron 49 genotipos no emparentados de papa criolla con los cuales se construyó una población conformada por familias de medios hermanos,

donde la semilla sexual de papa (TPS, *True Potato Seed*) se obtuvo a partir polinizaciones abiertas. La metodología para la extracción, lavado y almacenamiento de la semilla se hizo siguiendo las recomendaciones establecidas por El Centro Internacional de la Papa (CIP, 2010). A partir de TPS se obtuvo semilla prebásica de las 49 familias con la cual se realizaron las evaluaciones en fincas de agricultores.

Diseño experimental

Para realizar la parte experimental se utilizó un diseño en Látxice desbalanceado 7x7, con dos repeticiones; la unidad experimental fue constituida por familias con 5 hermanos medios y delimitada por plantas de la variedad de papa Criolla Colombia la cual es bien conocida por su alta susceptibilidad a *S. subterranea* f. sp. *subterranea*. La distancia entre surcos fue de 1,0 m, y entre sitios de 0,3 m.

Evaluaciones

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), la cual evalúa la severidad de la enfermedad en raíces, entendida ésta como porcentaje del volumen de raíces con presencia de agallas debidas a *S. subterranea* f. sp. *subterranea*.

Luego, las plantas que resultaron asintomáticas, según la evaluación visual en campo, se evaluaron en el laboratorio para evaluar 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.

Se utilizaron pruebas de PCR para detectar la presencia de *S. subterranea* f. sp. *subterranea* en plantas asintomáticas en las cuales no se encontró estructuras del patógeno observando al microscopio, con el fin de determinar por esta otra 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 un 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). Posterior se realizó el lavado de la fase orgánica con fenol:cloroformo y la precipitación de los ácidos

(*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 to-

La evaluación genética de la resistencia en campo se desarrolló en el municipio de la Unión, en fincas de agricultores, con registro reciente de alta severidad de sarna polvosa.

nucleicos con dos volúmenes de alcohol absoluto y Acetato de Sodio 3M. Finalmente el pellet generado es disuelto en agua destilada estéril.

La PCR se realizó utilizando dos pares de *primer* 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 DNAr de 390pb y los *primer* 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 DNAr de 434 pb. Las reacciones de PCR incluirán 0.5 μM de cada primer, 1 U de Taq DNA polimerasa recombinante

maron 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).

Conteo de quistosoros en el suelo

Con el fin de evaluar la presencia del patógeno en los suelos utilizados, se realizó un muestreo de suelo en campo tomando varias muestras por surco y luego mezclándolas para obtener una muestra homogénea por repetición. Las muestras fueron secadas y posteriormente tamizadas para hacer los

conteos. Se tomaron 0,01 del suelo contenido en el tamiz de 25 micras, esta muestra fue suspendida en 1 mL de agua destilada y se efectuó el recuento de quistosoros por medio de la cámara de Neubauer.

Análisis de dependencia espacial

Con el fin de determinar la distribución del inóculo en el suelo, se evaluó la dependencia espacial de la severidad de la enfermedad en las plantas testigo susceptibles distribuidas en todo el terreno, verificando el ajuste del semivariograma de esta variable a los modelos geoestadísticos de Matern, Exponencial, Esférico, Gaussiano y Nugget puro, mediante el criterio de la mínima suma de cuadrados del residuo (RSS). Asimismo se calculó el índice de dependencia espacial propuesto por Cambardella *et al.* (1994):

$$IDE = \frac{N}{S+N}$$

Donde: IDE es el índice de dependencia espacial, N y S corresponden a Nugget (Efecto pepipta) y Sill (Alcance), respectivamente.

Análisis estadístico

Para el análisis estadístico se consideró la variable severidad de la enfermedad para lo cual se tomó el valor de la marca de clase de las seis categorías de la escala diagramática utilizada. Asimismo, se incluyeron cuatro subcategorías más con los siguientes valores: 1) 0% sin presencia de síntomas o estructuras del patógeno observable al microscopio o PCR y; 2) 0.1% de severidad si se detecta presencia del patógeno a través de PCR; 3) 0.25% de severidad cuando se observan al microscopio plasmodios o zoosporangios en la raíces evaluadas; y 4) 1 % de severidad si se observaban quistosoros en la observación al microscopio.

En cada localidad, para la obtención de los componentes de varianza que permiten calcular la heredabilidad de la característica de resistencia a *S.*

subterranea f. sp. *subterranea*, se utilizó un modelo genético aditivo lineal univariado (Sorensen y Gianola, 2002). El modelo asumido fue el siguiente:

$$y = 1\mu + z_1f + z_2h + z_3b + e$$

donde: y es el vector de observaciones de tamaño n de la variable severidad 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 b es un vector de efectos ambientales asociado a los bloques incompletos. Las matrices de incidencia Z localizan el valor de los efectos correspondiente a cada dato observado.

Para este modelo se asume que los vectores f , h , b y e se distribuyen normal con media cero y varianzas σ_f^2 , σ_h^2 , σ_b^2 y σ_e^2 . 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 (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 heredabilidad en sentido estrecho de la característica. Ésta depende de la población en estudio y de la unidad de selección que se utilice, calculándose como el cociente

entre la varianza aditiva entre unidades de selección y la varianza fenotípica entre unidades de selección (Cruz y Carneiro, 2003). Así, la heredabilidad se

evaluó bajo los métodos de selección entre familias, entre y dentro de familias, masal estratificada y masal simple (Tabla 1)

Tabla 1. Estimación de las varianzas aditiva y fenotípica por unidad de selección, dependiendo del método de mejoramiento.

Método de selección	Variancia aditiva por unidad de selección	Varianza fenotípica por unidad de selección
Entre familias	$\hat{\sigma}_f^2$	$\hat{\sigma}_f^2 + \frac{1}{2}\hat{\sigma}_h^2 + \frac{1}{10}\hat{\sigma}_e^2$
Entre y dentro de familias	$3\hat{\sigma}_f^2$	$\hat{\sigma}_e^2$
Masal Estratificada	$4\hat{\sigma}_f^2$	$\hat{\sigma}_f^2 + \hat{\sigma}_h^2 + \hat{\sigma}_e^2$
Masal Simple	$4\hat{\sigma}_f^2$	$\hat{\sigma}_b^2 + \hat{\sigma}_f^2 + \hat{\sigma}_h^2 + \hat{\sigma}_e^2$

Se calculó la ganancia genética esperada para cada método de mejoramiento mediante la expresión:

$$\text{Ganancia Esperada} = i h^2 x \hat{\sigma}_p$$

donde *i* es la intensidad de selección y depende de la proporción de la población a ser parte del grupo de los genotipos seleccionados y de los valores fenotípicos correspondientes a una distribución normal, *h*² es la heredabilidad en sentido estrecho dependiendo del método de selección y $\hat{\sigma}_p$ es la desviación estándar fenotípica por unidad de selección (Falconer y Mackay, 1996).

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

El conteo de quistosoros muestra que en ambas localidades una alta capacidad de desarrollo de la enfermedad, presentando un valor promedio de $5,3 \times 10^6$ quistosoros g^{-1} suelo en el ensayo ubicado en la vereda San Juan y $5,2 \times 10^6$ quistosoros g^{-1} suelo para el ensayo de la vereda de La Cabaña. En el caso de sarna polvosa se sabe que muchos factores ambientales afectan el desarrollo de la enfermedad. En este sentido Lees *et al.* (2008), Nakayama *et al.* (2007), Van de Graaf *et al.* (2007), Baldwin *et al.* (2008) observando cuáles factores climáticos afectan el

desarrollo de la enfermedad producida por *S. subterranea* f. sp. *subterranea*; encontraron que la incidencia y la severidad de la sarna polvosa en papa está altamente influenciada por la temperatura, tipo de suelo y régimen de humedad en el suelo. Además encontraron que los niveles de inóculo del suelo no tienen un efecto directo sobre la infección y el desarrollo de la enfermedad, ya que con bajas cantidades de inóculo también llegan a producir síntomas severos de sarna polvosa si las condiciones climáticas son las apropiadas.

En cuanto al análisis de dependencia espacial de la severidad de los síntomas de la enfermedad en las plantas testigo susceptibles, el modelo geoestadístico seleccionado fue el de Nugget puro con un valor de RSS de 0,0002 y 0,0006 para La Cabaña y San Juan, respectivamente y IDE para ambas localidades es igual a 1, mostrando que no hay dependencia espacial en el experimento ().

Cambardella *et al.* (1994) aseguran que cuando los valores IDE son superiores a 0,75 se presenta baja dependencia espacial en el experimento y cuando los valores son muy cercanos a 1 se puede establecer la no dependencia espacial en el ensayo; en el caso de sarna polvosa la no dependencia espacial, es un indicador de que el patógeno se está distribuyendo de forma aleatoria en todo el espacio.

Tabla 2. Evaluación de dependencia espacial de la severidad de los síntomas producidos por *S. subterranea* f. sp. *subterranea* en raíces de *S. phureja* cv Criolla Colombia, en dos localidades del municipio de La Unión (Antioquia). $\gamma(h)$ es la semivarianza, RSS es la suma de cuadrados residuales e IDE es el índice de dependencia espacial.

Modelo	La cabaña					San Juan				
	Nugget	Sill	$\gamma(h)$	RSS	IDE	Nugget	Sill	$\gamma(h)$	RSS	IDE
Matern	0,0022	0,0161	0,0183	0,0053	0,1223	0,0611	0,0407	0,0638	0,0597	0,6003
Exponencial	0,0022	0,0161	0,0183	0,0053	0,1223	0,0075	0,0563	0,0638	0,0807	0,1176
Esférico	0,0022	0,0161	0,0183	0,0053	0,1223	0,0075	0,0563	0,0638	0,0807	0,1176
Gausiano	0,0022	0,0161	0,0183	0,0053	0,1223	0,0075	0,0563	0,0638	0,0807	0,1176
Nugget puro	0,0183	0,0000	0,0183	0,0002	1,0000	0,0638	0,0000	0,0638	0,0006	1,0000

Asimismo, si se tiene en cuenta los valores bajos de la semivarianza encontrados en el presente estudio se puede establecer que la distribución de sarna polvosa en los lotes seleccionados para los ensayos, además de ser aleatoria desde el punto de vista espacial, es bastante homogénea. Todas las plantas del cultivar testigo fueron afectadas por la enfermedad, presentando la mayor parte de ella grados de severidad de 5 y 6 en la escala, que corresponden

aproximadamente a 0,38 y 0,75 del volumen total de raíces afectado (Figura 1).

Observando la respuesta de los clones de las 49 familias de hermanos medios se encuentra que en general la población fue mucho menos afectada por la sarna polvosa con relación a los genotipos testigos. Así, un valor máximo de infección del 20% y 23% para la vereda la Cabaña y San Juan, respectivamente (Figura 2A y Figura 2B).

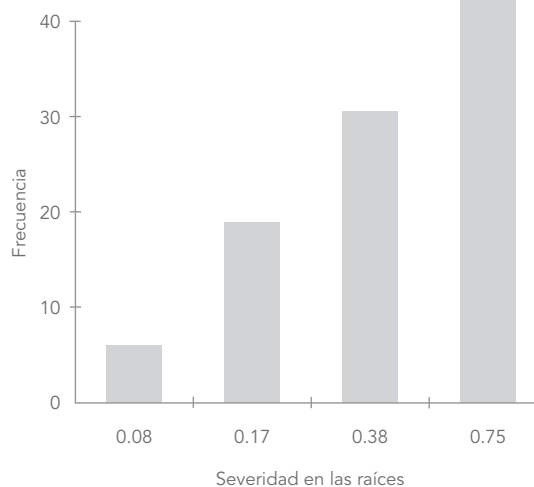
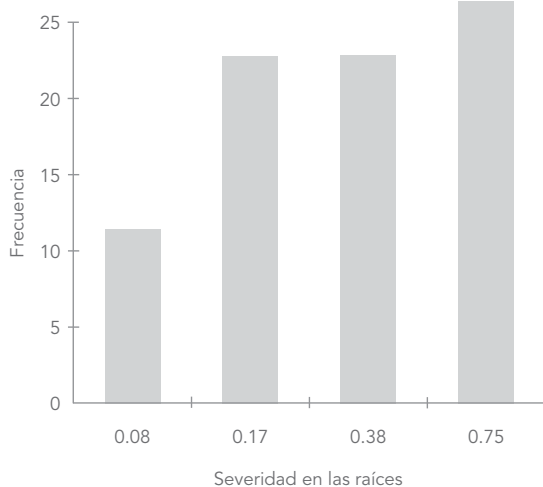


Figura 1. Histograma de frecuencia para la severidad de la enfermedad en plantas testigo de *S. phureja* cv. Criolla Colombia en el municipio de La Unión Antioquia. Veredas A) La Cabaña y B) San Juan.

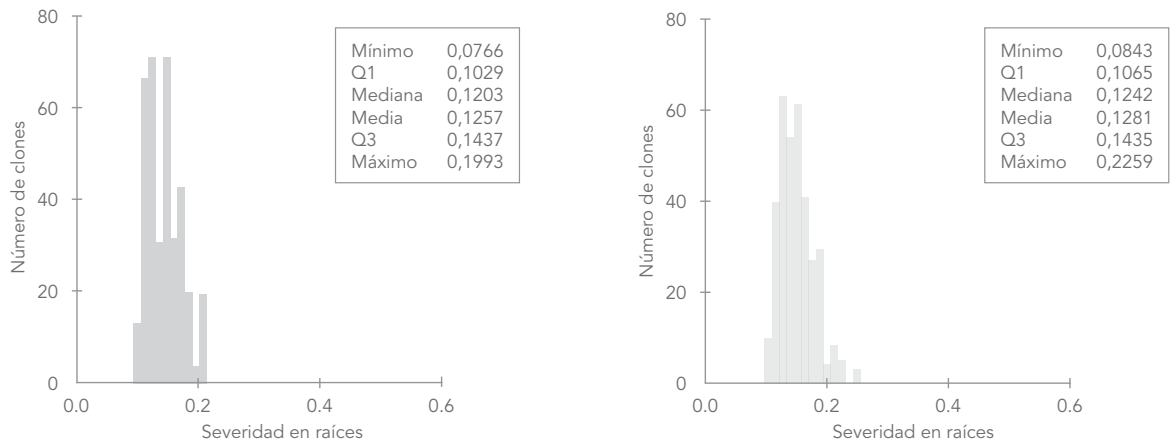


Figura 2. Histograma de frecuencia para la respuesta a *S. subterranea* f. sp. *subterranea* de los individuos (medios hermanos) de *S. phureja* en el municipio de La Unión Antioquía. Veredas A) La Cabaña y B) San Juan.

Cuando se observaron los predictores o valores estimados de severidad de la enfermedad a nivel familiar, las familias maternas 80, 3, 142, 2 y 143 conforman el grupo de las cinco familias más resistentes, es decir, con menor valor de severidad

para la vereda La Cabaña. En el ensayo de San Juan, las cinco familias maternas con mayor resistencia fueron 4, 31, 142, 3 y 100. Se destaca la familia 3 y 142 cuya progenie fue resistente en ambas localidades (Figura 3).

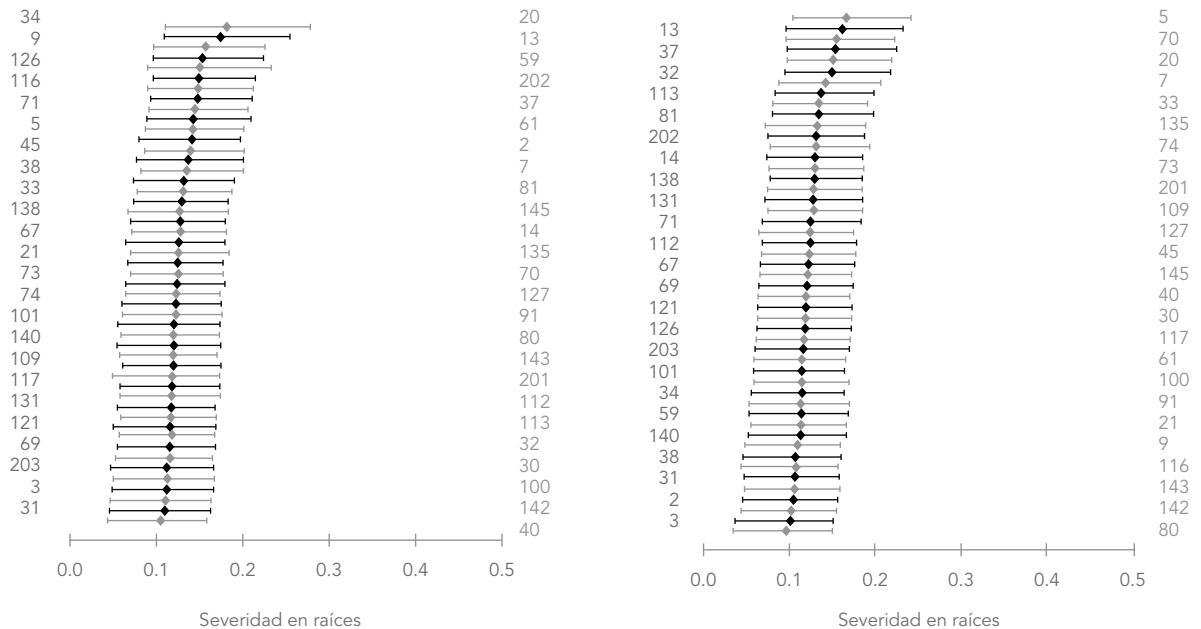


Figura 3. Predictores lineales bayesianos (BLP) para el efecto de 49 familias maternas para la severidad en raíces de sarna polvosa en dos localidades del municipio de La Unión. Veredas A) La Cabaña y B) San Juan. Las barras de error indican los límites del intervalo de alta densidad a posteriori de 90%.

Los resultados encontrados permiten establecer que la población de hermanos medios de *S. phureja* evaluada contiene genes de resistencia a *S. subterranea* f. sp. *subterranea* ya que las condiciones del ensayo garantizaron la alta expresión de síntomas en el cultivar testigo y se presentó una presión de inóculo del patógeno en suelo elevada y homogénea. Esto concuerda con los resultados reportados por Lees (2000) quien al evaluar clones de papa de varias especies encontró que los clones de *S. phureja* fueron altamente resistentes a esta enfermedad.

En cuanto a los parámetros genéticos, la heredabilidad evaluada bajo los cuatro sistemas de selección, no presentó diferencias estadísticamente significativas entre las heredabilidades obtenidas para los diferentes métodos de selección, ni entre las localidades evaluadas, variando la estimación de la heredabilidad en sentido estrecho entre 0,11 y 0,29 (Tabla 3). Cotes et al. (2012), en el municipio

de la Unión (Antioquia) realizando la evaluación de la severidad de la sarna polvosa en 38 familias de hermanos medios maternos de *S. phureja*, evaluando 20 hermanos medios por familia y seis localidades, encontraron valores de heredabilidad entre 0,72 y 0,37; siendo mayores que los encontrados en la presente investigación. Por otro lado, Nitzan et al. (2010) en ensayos utilizando 24 genotipos de papa *S. tuberosum* L. evaluados en cuatro ambientes, encontraron una alta heredabilidad en sentido amplio (0,76) de la característica de resistencia a sarna polvosa, por la cual recomendaron que se usen los materiales con mayor grado de resistentes como progenitores en los programas de mejoramiento.

Los valores de heredabilidad de la resistencia a sarna polvosa en *S. phureja* encontrados en esta investigación, pueden ser considerados medianos a bajos (Poehlman, 2003) independiente del método

Tabla 3. Parámetros genéticos estimados e intervalos de alta densidad a posteriori de 90% para la severidad en raíces de la sarna polvosa en dos localidades del municipio de La Unión (Antioquia).

Parámetro	La cabaña			San Juan		
	HPD 90%			HPD 90%		
	Estimativa	Inferior	Superior	Estimativa	Inferior	Superior
σ_{Bloque}^2	0,0007	0,0000	0,0029	0,0003	0,0000	0,0029
$\sigma_{\text{Familia}}^2$	0,0012	0,0001	0,0029	0,0013	0,0000	0,0035
$\sigma_{\text{HS (Familia)}}^2$	0,0000	0,0000	0,0014	0,0000	0,0000	0,0017
$\sigma_{\text{(Error)}}^2$	0,034	0,0299	0,0385	0,0314	0,027	0,0361
h_{Familiar}^2	0,257	0,0263	0,4643	0,2663	0,0298	0,5411
$h_{\text{Familiar / Individual}}^2$	0,1064	0,01	0,2595	0,1238	0,101	0,343
$h_{\text{Masal Estratificada}}^2$	0,1364	0,0128	0,318	0,157	0,126	0,4108
h_{Masal}^2	0,1324	0,0116	0,3125	0,1526	0,0112	0,4046

de selección que se emplee. Así, el efecto aditivo de los genes no tienen gran peso en la proporción de la variabilidad que se observa entre los genotipos y por tanto otros efectos genéticos o el ambiente están actuando en la expresión de la característica.

Si se considera este último factor, Borém y Miranda (2007) advierten que cuando la variabilidad ambiental es muy alta se hace más difícil la selección de genotipos de manera efectiva. Por otro lado Hoyos *et al.* (2008) anotaron que la severidad del ataque producido por sarna polvosa no es homogéneo en el sistema radical pues las condiciones ambientales, tipo de suelo y el tipo de clon utilizado influye significativamente en esta característica. Lees (2000), Lees (2000a) y Van de Graaf *et al.* (2007), afirman que la severidad de la enfermedad producida por *S. subterranea* f. sp. *subterranea*, puede cambiar de manera significativa de un año a otro, debido a que el desarrollo del patógeno depende en gran medida de las condiciones climáticas y posiblemente de la distribución en focos del patógeno en el suelo. Esta última afirmación no concuerda con los resultados obtenidos en la presente investigación, debido a que los análisis de estadística espacial mostraron gran homogeneidad del ataque de la enfermedad.

La falta de correlación genética entre los ambientes es debida a la presencia de la interacción genotipo por ambiente y es una de las forma de medir su magnitud (Falconer y Mackay, 1996). La correlación genética de la característica de severidad de sarna polvosa entre las localidades de La Cabaña y San Juan es baja (Figura 4) evidenciando que hay una alta interacción genotipo por ambiente, en la expresión de la resistencia, es decir, puede ser que la expresión de los genes en un ambiente sea diferente a la presentada en otro ambiente, o que genes diferentes se expresan en cada ambiente. En ese sentido Sousa *et al.* (2003)

indican que cuando un coeficiente de correlación genético es bajo entre dos localidades indicaría que los mismos genes (o genes similares) no están condicionando la característica en estudio en estos dos ambientes.

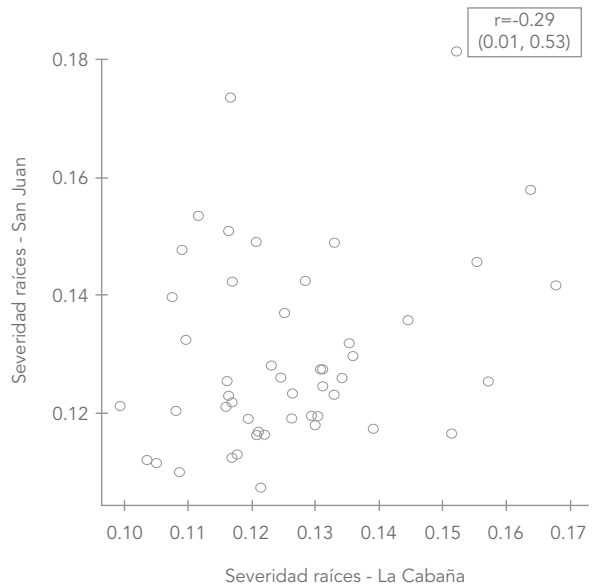


Figura 4 Correlación genética para la respuesta de resistencia en raíces a la sarna polvosa en dos localidades del municipio de La Unión (Antioquia).

No se presentan diferencias estadísticamente significativas entre las ganancias genéticas esperadas para los cuatro métodos de selección evaluados (Figura 5). Sin embargo, es de tener en cuenta que para los métodos de selección entre familias y, entre y dentro de familias se requieren dos ciclos de cultivo en la selección de los individuos que participan genéticamente en la construcción de la población del siguiente ciclo de selección, colocando a estos métodos en desventaja frente a los demás métodos de selección evaluados. Así, la selección masal individual o estratificada son mejores alternativas para enfrentar el mejoramiento genético de la característica basados en métodos de selección.

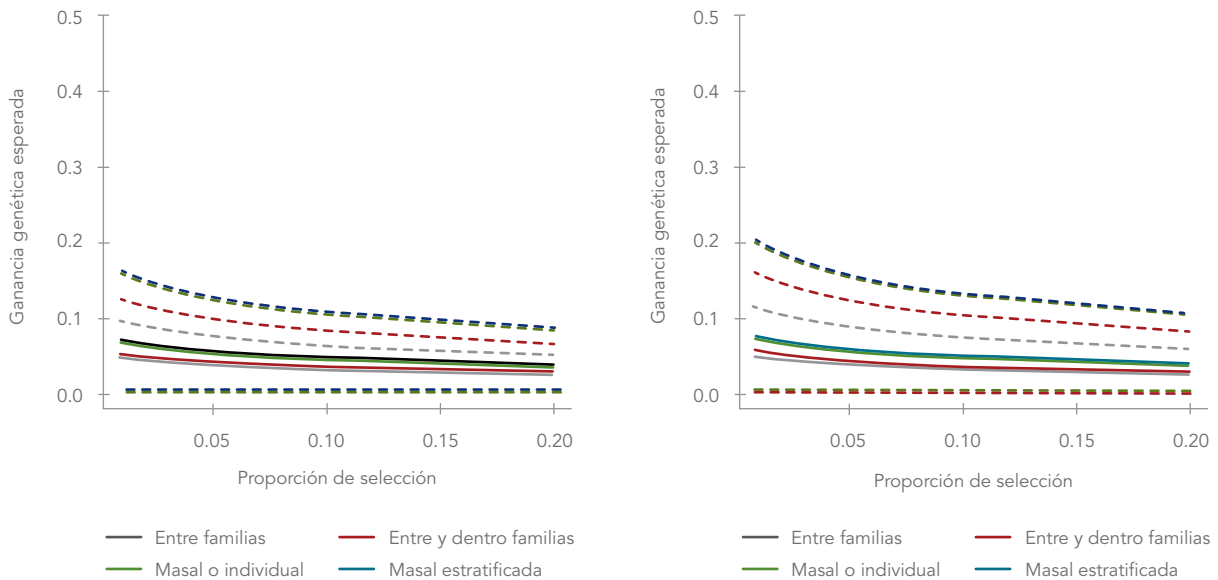


Figura 5. Ganancias genéticas esperadas en la población de *S. phureja* para la respuesta de resistencia en raíces a *S. subterranea* f. sp. *subterranea* para diferentes métodos de selección en dos localidades del municipio de La Unión (Antioquia). Veredas A) La Cabaña y B) San Juan. Las líneas sólidas representan el valor estimado de Bayes y las líneas discontinuas los límites del intervalo de alta densidad a posteriori de 90%.

En ambas localidades si realizamos una presión de selección del 20% de los individuos con menor grado de severidad, se estaría avanzando aproximadamente en 5 puntos porcentuales en el grado de resistencia a sarna polvosa.

En este sentido Pierce (2010) y Soomro et al. (2010) establecen que cuando no hay respuesta a la selección no se produce avances genéticos importantes dentro del programa de mejoramiento por los métodos de selección y por tanto es difícil predecir el comportamiento de los padres que se están utilizando en el programa.

La prueba molecular de PCR, permitió detectar la presencia del patógeno en 12 de las 148 muestras evaluadas, es decir en el 8% de las muestras resultaron positivas en las cuales no se encontraron síntomas en raíces ni se observaron estructuras del patógeno al microscopio, sin embargo, ninguno de los materiales evaluados amplificó con los dos pares de primers.

Nakayama et al. (2007) usaron ésta técnica molecular para detectar la presencia de *S. subterranea* f. sp. *subterranea* en raíces y tubérculos asintomáticos de papa y en suelo, ellos afirmaron que la técnica de PCR es altamente específica y sensible y produce resultados pocas horas después de que las plantas están en presencia del patógeno.

Ward et al. (2004), reconocen la sensibilidad en la detección de *S. subterranea* f. sp. *subterranea* en tubérculo, raíces, suelo y agua, mediante las metodologías de PCR convencional y PCR en tiempo real, sin embargo establecen que estas técnicas resultan poco prácticas cuando se desea evaluar gran número de muestras, dificultad que se tuvo en la presente investigación.

CONCLUSIÓN

Los valores de heredabilidad de la resistencia a *S. subterranea* f. sp. *subterranea* fueron medianos a bajos, independiente del método de selección

empleado, indicando que el efecto aditivo de los genes no tiene gran peso en la proporción de la variabilidad fenotípica observada, mientras que el ambiente sí realizó un efecto bastante marcado, además no se encontró correlación genética para la severidad de sarna polvosa entre las localidades, evidenciando que posiblemente no se presentan los mismos mecanismos genéticos involucrados en la expresión de severidad del patógeno, entre ambas localidades.

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.

En ambas localidades si realizamos una presión de selección del 20% de los individuos con menor grado de severidad, se estaría avanzando aproximadamente en 5 puntos porcentuales en el grado de resistencia a sarna polvosa.

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. 234p.
2. Baldwin, S. J.; Genet, R. A.; Butler, R. C. y Jacobs J. M. 2008. A greenhouse assay for powdery scab (*Spongospora subterranea* f. sp. *subterranea*) resistance in potato. *Potato research* 51 (1): 63 - 173.
3. Borém, A.; Miranda, G. 2007. Melhoramento de plantas. 4ta edición. Universidad Federal de Viçosa. Brazil. 529p.
4. Bulman, S.R., Marshall, J.W. 1998. Detection of *Spongospora subterranea* in potato tuber lesions using the polymerase chain reaction (PCR). *Plant Pathology* 47(6): 759–766.
5. Burgos, G.; Salas, E.; Amoros, W.; Auqui, M.; Muñoa, L.; Kimura, M.; Bonierbale, M. 2009. Total and individual carotenoid profiles in *Solanum phureja* of cultivated potatoes: I. Concentrations and relationships as determined by spectrophotometry and HPLC. *Journal of Food Composition and Analysis*. 22 (6): 503–508.
6. Cambardella C. A.; Moorman T. B.; Novak J. M. 1994. Field-scale variability of soil properties in central Iowa soils. *Soil Science Society of America Journal*. 58 (5): 1501-1511.
7. CIP. 2010. Procedimientos para pruebas de evaluación estándar de clones avanzados de papa. Lima, Perú. 151p.
8. Cotes, J.M.; González, E. P.; Zuluaga, C. M.; Morales, J.G.; Marín, M. A.; Ñustez, C.E. 2012. 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 94 p.
9. Cruz, C. D.; Carneiro, P. C. 2003. Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético Vol 2. Viçosa, Universidade Federal de Viçosa (UFV). 585 p.
10. Doyle, J. J.; Doyle, J. L. 1990. Isolation of plant DNA from fresh tissue. *Focus* 12 (1): 13–15.
11. Evers, D.; Schweitzer, C.; Nicot, N.; Gigliotti, S.; Herrera, M.R.; Hausman, J.F.; Hoffmann, L.; Trognitz, B.; Dommès, J.; Ghislain, M. 2006. Two PR-1 loci detected in the native cultivated potato *Solanum phureja* appear differentially expressed upon challenge by late blight. *Physiological and Molecular Plant Pathology* 67 (3-5), 155–163.

12. Falconer, D. S.; Mackay, T. 1996. Introduction to quantitative genetics. 4th edition. England: Longman. 464 p
13. Falloon R.E.; Russell A. G.; Wallace A. R.; Butler R. C. 2003. Suceptibility of potato (*Solanum tuberosum*) cultivars to powdery scab (caused by *Spongospora subterranea*), and relationships between tuber and root infection. Australasian Plant Pathology 32 (3): 377-385.
14. Ghislain, M.; Andrade, D.; Rodríguez, F.; Hijmans, R.J.; Spooner D.M. 2006. Genetic análisis of the cultivated potato *Solanum tuberosum* L. *Phureja* group using RAPDs and nuclear SSRs. Theoretical and Applied Genetics. 113 (8): 1515-1527
15. 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.
16. Hoyos C., L. M.; Jaramillo V., Orduz P. 2008. Evaluación de *Trichoderma asperellum* como biorregulador de *Spongospora subterranea* f. sp. *subterranea*. Revista Facultad Nacional de .Agronomía Medellín 61 (2): 4496-4502.
17. Jaramillo, S; Calderón, H; Narváez, C; Machuca, A; Afanador, L; Hincapié, L; Correa, G. 2003. Caracterización de la variabilidad Patogénica y molecular de *Spongospora subterranea*. Informe final fase 2. Convenio Universidad Nacional, Sede Medellín y CEVIPAPA. Medellín. 80 p.
18. Lees, A. K. 2000. Resistance to powdery scab in potato. Proceedings of the First European Powdery scab Workshop, 2000. Aberdeen, Scotland, July 20-22. (Merz U., Lees A.K., eds.) p 35-39.
19. Lees, A. K. 2000a Summary of the session on past and present research on powdery scab. Past and present Research: Powdery SCAF. Proceedings of the First European Powdery scab Workshop, 2000. Aberdeen, Scotland, July 20-22. (Merz U., Lees A.K., eds.) p. 55-57
20. Lees, A. K.; Van de Graaf, P.; Wale, S. 2008. The Identification and Detection of *Spongospora subterranea* and Factors Affecting Infection and Disease. American Journal of Potato Research. 85 (4):247-252
21. Merz. U.; Martínez, V.; Schwärzel, R. 2004. The potential for the rapid screening of potato cultivars (*Solanum tuberosum*) for resistance to powdery scab (*Spongospora subterranea*) using a laboratory bioassay. European Journal of Plant Pathology 110 (1): 71 – 77.

22. Nakayama, T.; Horita, M.; Shimanuki, T. 2007. *Spongospora subterranea* soil contamination and its relationship to severity of powdery scab on potatoes. *Journal of General Plant Pathology*. 73 (4): 229–234.
23. Nitzan, N.; Cummings, T.; Johnson, D. A.; Miller, J. S.; Batchelor, D. L.; Olsen, C.; Quick R. A.; Brown, C. R. 2008. Resistance to Root Gallling Caused by the Powdery Scab Pathogen *Spongospora subterranea* in Potato. *Plant Disease*. 92 (12): 1643 – 1649.
24. Nitzan, N.; Haynes, K.; Miller, J. 2010. Genetic stability in potato germoplasm for resistance to root galling caused by pathogen *Spongospora subterranean*. *American Journal of Potato Research* 87 (6): 497 - 501
25. Pierce, B. 2010. *Genética un enfoque conceptual*. 3ra Edición. Editorial Médica Panamericana. Madrid, España. p. 665 – 669
26. Poehlman, J. M. 2003. *Mejoramiento genético de las cosechas*. Segunda edición. Editorial Limusa. México. 506p.
27. Porras, P. 2000. Guía para la papa criolla. Clon 1. En: *Papas colombianas con el mejor entorno ambiental*, 2 edición. FEDEPAPA, Bogotá. pp. 44-47, 65-69.
28. Qu, X.; Christ, B. J. 2006. Single cystosorus isolate production and restriction fragment length polymorphism characterization of the obligate biotroph *Spongospora subterranea* f. sp. *subterranea*. *Phytopathology* 96 (10): 1157 – 1163
29. 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 (1): 21-30.
30. 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/>
31. Soomro, Z. A.; Kumbhar, A. S.; Larik, A. S.; Imram, M.; BROHI, S. A. 2010. Heritability and selection response in segregating generations of upland cotton. *Pakistan Journal of Agricultural Research* 23 (1): 25- 30.
32. Sorensen, D.; Gianola, D. 2002. *Likelihood, Bayesian, and MCMC Methods in Quantitative Genetics*. First Edition. Springer-Verlag, New York. 757p.

33. Sousa V., O.; Rea, R.; Briceño, R. 2003. Uso de la repetibilidad clonal en la selección de ambientes en ensayos regionales de variedades de caña de azúcar en los estados de Lara y Yaracuy. *Bioagro* 15 (02): 77 – 82.
34. Van de Graaf, J.; Wale, S. J.; Lees, A. K. 2007. Factors affecting the incidence and severity of *Spongospora subterranea* infection and galling in potato roots. *Plant Pathology* 56 (6): 1005–1013.
35. Torres, H.; Pacheco, M. A.; French, E. R. 1995. Resistance of potato to powdery scab (*Spongospora subterranea*) under Andean field conditions. *American Potato Journal* 10 (6): 355-363.
36. Ward, L.; Beales, P.; Barnes, A.; Lane, C. 2004. A Real-time PCR Assay Based Method for Routine Diagnosis of *Spongospora subterranea* on Potato Tubers. *Journal Phytopathology* 152 (11-12): 633–638.