

VIII CONGRESO ECUATORIANO DE LA PAPA

Libro de MEMORIAS



Organizado por:





www.congresodelapapa.com

VIII CONGRESO ECUATORIANO DE LA PAPA

Soberanía Alimentaria y Nutrición

TEMÁTICAS:

- Mejoramiento Genético y Biotecnología
- Sanidad Vegetal (Fitopatología y Entomología)
- Poscosecha (Agroindustria, Almacenamiento y Valor Nutricional)
- Producción y Tecnología de Semillas
- Agronomía (Suelos, Riego, Fertilización, Fisiología y Sistemas de Producción)
- Socio-Economía (Saberes Ancestrales, Mercado, Organizaciones Campesinas y Comercialización)

PONENCIAS, CONFERENCIAS
MAGISTRALES Y FERIA DE
INNOVACIÓN TECNOLÓGICA DE LA PAPA

27-28 DE JUNIO DEL 2019

Centro de Cultura y Deportes
(Campus Huachi)

**DIA DE CAMPO FCAGP
29 DE JUNIO DEL 2019**

(Campus Querochaca)
Cantón Cevallos

ORGANIZADORES



UNIVERSIDAD
TÉCNICA DE AMBATO



AUSPICIA Proyecto PAPA CLIMA:



VIII CONGRESO
ECUATORIANO
DE LA PAPA

“SOBERANÍA ALIMENTARIA
Y NUTRICIÓN”

Artículos del VIII-CEP-2019

*Ambato – Tungurahua – Ecuador
Junio 27 - 28*

VIII CONGRESO ECUATORIANO DE LA PAPA

“SOBERANÍA ALIMENTARIA
Y NUTRICIÓN”

ARTÍCULOS DEL VIII-CEP-2019

VIII CONGRESO ECUATORIANO DE LA PAPA

“Soberanía Alimentaria y Nutrición”

Primera edición, 2019

450 ejemplares

Rivadeneira J., Racines M., Cuesta X. (Eds.). 2019. Artículos del Octavo Congreso Ecuatoriano de la Papa. Ambato, Ecuador. pp 150.

Prólogo: Comité Organizador. VIII Congreso Ecuatoriano de la Papa

Impreso en IDEAZ, Quito-Ecuador, junio 2019

ISBN: 978-9942-22-449-1

“Prohibida la reproducción total o parcial por cualquier medio sin autorización escrita del titular de los derechos patrimoniales”



VIII CONGRESO ECUATORIANO DE LA PAPA

Soberanía Alimentaria y Nutrición

CONFERENCIAS MAGISTRALES

Ventajas de la Mejora Genética Molecular en papa

Enrique Ritter¹, Xavier Cuesta², Antonio Leon³,
Enrique Fernandez-Northcote⁴

¹ Neiker- Instituto Vasco de Investigación y Desarrollo Agrario. PO Box 46. 01080.

Vitoria-Gasteiz-Spain. Autor correspondiente: eritter@neiker.eus

² Instituto Nacional Autonomo de Investigaciones Agropecuarias – INIAP, Quito, Ecuador

³ Universidad San Francisco de Quito, Colegio de Ciencias e Ingenierías – USFQ, Ecuador

⁴ Universidad Nacional Agraria La Molina – Instituto de Biotecnología, IBT, Lima Perú

Palabras clave: Mejoramiento genético, Selección Asistida por Marcadores.

INTRODUCCIÓN

Los caracteres útiles de interés (como el rendimiento, la calidad y las tolerancias a estreses biótico y abiótico) están controlados por los efectos de uno, varios o muchos genes, denominados genes candidatos (CG) en cada caso. Sus números dependen del rasgo particular. El fenotipo de un individuo depende del genotipo y está controlado por los efectos de los alelos específicos de los genes candidatos del rasgo correspondiente y las posibles interacciones.

Para analizar los efectos de los diferentes alelos existentes de los genes candidatos, es necesario vincular datos fenotípicos y genotípicos, aplicando métodos estadísticos como el Mapeo por Asociación.


La Mejora genética molecular puede acelerar considerablemente los programas de mejora clásica. La detección de “genes candidatos” para rasgos útiles ofrece la posibilidad de aplicarlos, después de desarrollar los marcadores correspondientes, en la selección asistida por marcadores (MAS) dentro de los programas de mejora. El estudio de la diversidad alélica de dichos genes en el germoplasma disponible y el análisis de sus efectos particulares permite seleccionar los alelos o combinaciones de alelos más eficientes para estos fines.

Para la detección del gen candidato (CG) se pueden aplicar diferentes herramientas, como el análisis de la expresión diferencial en diferentes condiciones, el análisis de genes candidatos conocidos en otras especies, el análisis de genes mapeados que se encuentran cerca de un QTL o el análisis de enzimas clave en vías metabólicas relevantes.

Se pueden desarrollar estrategias de selección asistida por marcadores a través de la construcción de modelos. Los modelos desarrollados que muestran grandes correlaciones entre los valores pronosticados y observados y explican grandes porciones de la varianza total se pueden usar para asignar valores genéticos a los parentales que se utilizan en el programa de mejora y para predecir el comportamiento de las progenies de sus cruces para cada carácter de interés. De ahí se pueden extraer los cruzamientos más prometedores.

Además para genes especiales de interés que tienen una gran influencia en un carácter determinado, se pueden diseñar cebadores específicos para alelos superiores con gran efecto que se pueden utilizar para la selección rutinaria de los materiales vegetales deseados.

Las ventajas de la mejora genética molecular consisten entre otras en:

- 
- Seleccionar ya en la fase de SEMILLERO los genotipos de interés.
 - Plantar solo el material vegetal deseado
 - Iniciar el siguiente ciclo de mejora ya en el momento de la floración.
 - Plantar solo las progenies de los cruzamientos más prometedores
 - Predecir el comportamiento de germoplasma desconocido
 - Acumular alelos favorables de diferentes genes candidatos importantes en los parentales y aplicar la selección dentro de los genotipos de una progenie.

MATERIALES Y MÉTODOS

Las estrategias y metodologías mencionadas se aplicaron en el proyecto: PAPA CLIMA – Selección asistida por marcadores en germoplasma de patata adaptado a estreses bióticos y abióticos causados por el Cambio Climático global. Alrededor de 200 accesiones de papa se evaluaron en el Perú y en Ecuador en diferentes condiciones ambientales en campo y en bioensayos con el fin de obtener datos fenotípicos para el mapeo por asociación.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Numerosos genes candidatos (GC) para la tolerancia al estrés abiótico y biótico se derivaron de genes conocidos en papa y otras especies y por análisis de expresión diferencial en genotipos estresados y sin estrés. Los amplicones de estos CG fueron producidos y secuenciados en todas las accesiones de papa. La variación alélica se determinó para estos GC y los efectos de sus variantes alélicas en el estrés.

Se mostrarán detalles de los ensayos y de los resultados.

CONCLUSIONES

El mapeo por asociación permitió detectar efectos significativos en la tolerancia a estreses para varios GC, determinar los valores genéticos de las accesiones y diseñar cruces prometedores para mejorar la tolerancia a los estreses.

BIBLIOGRAFÍA

- Durstewitz G, Polley A, Plieske J, Luerssen H, Graner EM, Wieseke R, Ganai MW. (2010). SNP discovery by amplicon sequencing and multiplex SNP genotyping in the allopolyploid species *Brassica napus*. *Genome* 53(11):948-56. doi: 10.1139/G10-079.
- Wang N, Chen B, Xu K, Gao G, Li F, Qiao J, Yan G, Li J, Li H, Wu X. (2016). Association Mapping of Flowering Time QTLs and Insight into Their Contributions to Rapeseed Growth Habits. *Front Plant Sci.*24;7:338.
- Yang H, Wei CL, Liu HW, Wu JL, Li ZG, Zhang L, Jian JB, Li YY, Tai YL, Zhang J, Zhang ZZ, Jiang CJ, Xia T, Wan XC. (2016). Genetic Divergence between *Camellia sinensis* and Its Wild Relatives Revealed via Genome-Wide SNPs from RAD Sequencing. *PLoS One* 11(3):e0151424.

AGRADECIMIENTOS

Este trabajo ha sido financiado por el programa FAO-Treaty y el Gobierno Vasco.