

# Selección asistida por marcadores moleculares

*para resistencia a enfermedades en un programa práctico de mejoramiento genético de papa*



**Financiadores:** FONTAGRO - CLIPAPA,  
Reino de los Países Bajos

**Colaboradores:** NEIKER Tecnalia (España),  
INTA (Argentina), INIA (Uruguay),  
INIAP (Ecuador), UC (Costa Rica),  
YANAPAY (Perú), INIA (Perú)

**Cita correcta del artículo:**

Veramendi, S. y Gabriel, J. (2015). Selección asistida por marcadores moleculares para resistencia a enfermedades en un programa práctico de mejoramiento genético de papa (pp. 20-25). *En: Fundación PROINPA. Informe Compendio 2011-2014. Cochabamba - Bolivia.*

**Contacto:**

[s.veramendi@proinpa.org](mailto:s.veramendi@proinpa.org)

La Selección Asistida por  
Marcadores Moleculares (SAM) en  
un futuro mediano podrá ser utilizada  
como herramienta para una  
selección temprana y segura en la  
mejora genética de la papa.

Una variedad moderna de papa idealmente requiere de la combinación de 50 o más caracteres importantes como mayor rendimiento (producto de la combinación de factores morfológicos, fisiológicos y ontogenéticos), adaptación a técnicas de manejo en el campo (el aporque, control de malezas y distancia de siembra en la cosecha y en el almacenamiento), resistencia a los factores adversos abióticos (heladas, sequía, suelos salinos, etc.) y bióticos (enfermedades, insectos, nematodos) y calidad, de acuerdo a los fines para los cuales se destina el producto (sólidos totales, compactación, azúcares reductores, tiempo de cocción,

propiedades organolépticas, verdeamiento en almacén, contenido de glicoalcaloides, etc.).

Un programa de mejoramiento genético convencional normalmente requiere grandes cantidades de plántulas (cientos de miles en muchos casos) para seleccionar una variedad deseada basada en el análisis del fenotipo. Este proceso en el mejor de los casos toma entre 6 a 8 años.

Los marcadores moleculares (biomoléculas que se relacionan con un rasgo genético) constituyen una herramienta básica para ayudar a hacer más eficientes los procesos de selección en los programas de mejoramiento genético.

En este sentido, la Selección Asistida por Marcadores Moleculares (SAM) es una herramienta valiosa, porque pone a disposición del mejoramiento genético, técnicas modernas de la biología molecular que eliminan el efecto ambiental y garantizan la selección genotípica en vez de la fenotípica; además, estos marcadores moleculares se aplican en una sola prueba, en corto tiempo y no necesariamente paso a paso como se hace en el mejoramiento convencional; reduciendo de este modo, el tiempo y espacio en la selección.



Los avances en la biología molecular y particularmente, en la genómica y proteómica permiten aplicar nuevas estrategias y técnicas eficientes para el detallado análisis genético de cualquier fenotipo.



En la Fundación PROINPA se utilizaron estas herramientas con los siguientes objetivos:

1) Validar seis marcadores moleculares utilizados por diversos programas de mejoramiento genético de papa del mundo, para detectar los genes de resistencia a los virus PVY y PVX, a los nematodos: *Globodera pallida* y *G. rostochiensis*, al tizón (*Phytophthora infestans*) y a la verruga (*Synchytrium endobioticum*) en variedades mejoradas de papa obtenidas por mejoramiento convencional en años previos.

2) Aplicar estos marcadores moleculares para SAM en poblaciones de papa, obtenidos en recientes años a partir de cruzamientos entre especies nativas.

Las investigaciones se realizaron en el invernadero y el laboratorio de Biología Molecular y Bioinformática de PROINPA. Se utilizó marcadores moleculares de libre acceso que están ligados y colocalizados con los genes de resistencia para *Phytophthora infestans*, *Globodera pallida*, *G. rostochiensis*, *Synchytrium endobioticum*, PVX y PVY.

**Tabla 1. Presencia/ausencia de alelos (QTIs/genes) resistentes en las variedades evaluadas, las mismas que se han identificado a través de la utilización de marcadores moleculares**

N°	Variedad	PVY RySC3	G.p. HC	G.r. Gro 1-4	P.i. GP 94	S.e. NL 25	PVX CP 60
1	Aurora	+	+	-	+	+	+
2	Chota Ñawi	+	+	+	+	+	-
3	Desireé	+	-	-	+	+	+
4	Isabel	+	+	+	+	+	+
5	Runa Toralapa	+	-	-	+	+	+
6	Keila	+	+	+	+	+	+
7	Morita	+	+	-	+	+	+
8	Pafrita	+	-	-	+	+	+
9	P'alta Chola	+	+	-	+	+	+
10	Pinker	+	-	-	+	+	+
11	Pujuni Imilla	+	+	-	+	+	+
12	Robusta	+	+	-	+	+	+
13	Rosada	+	+	-	+	+	+
14	Salomé	+	-	-	+	+	+
15	Victoria	+	+	+	+	+	+
16	Violeta	+	+	+	+	+	+
17	Yungueñita	+	+	-	+	+	+
18	Jaspe	+	+	+	+	+	+
19	Waych'a C-	-	-	-	-	-	-
20	India	+	+	+	+	+	+
21	C+	Pro	Pbo	Wni	P Ch	P Ch	P Ch
22	C-						

G.p. = *Globodera pallida*, G.r. = *G. rostochiensis*, P.i. = *Phytophthora infestans*, S.e. = *Synchytrium endobioticum*

Rosa = Pro (adg), Pinta Boca = Pbo (stn), Wallpa Ningri = Wni (stn), PCh = P'alta Chola, + = Presencia del alelo de resistencia, - = Ausencia del alelo de resistencia, C+ = Control positivo (Resistente), C- = Control negativo (Susceptible).

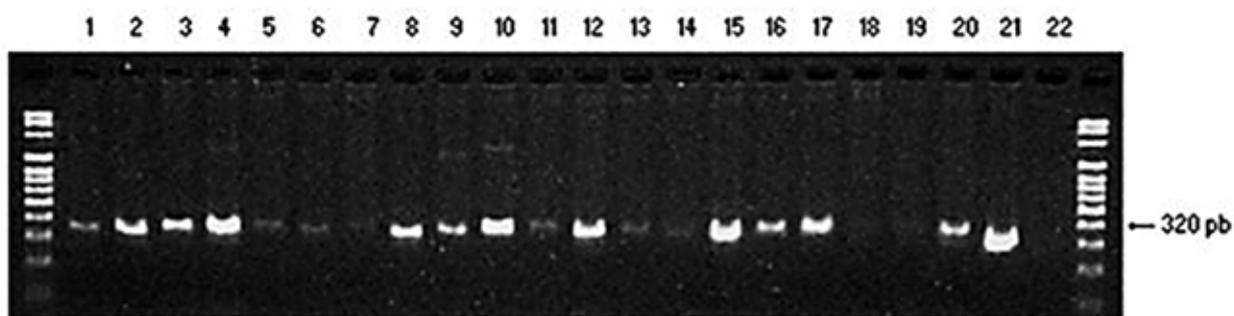


Los resultados mostraron que los marcadores moleculares para detectar los genes de resistencia a los virus PVY y PVX (ubicados en los cromosomas XI y XII) fueron encontrados en todas las variedades evaluadas (Tabla 1 y fig 1), excepto en la variedad Chota Ñawi y Waych'a).

El marcador molecular para detectar el gen de resistencia para *G. rostochiensis* (ubicado en el cromosoma VII) fue encontrado en las

variedades Chota Ñawi, Isabel, Keila, Victoria, Violeta, Jaspe, India y Wallpa Ningri (Control positivo C+).

El marcador molecular para resistencia a verruga (*S. endobioticum*) (ubicado en el cromosoma XI) fue encontrado en todas las variedades evaluadas, a excepción de Waych'a (Control negativo C-).



**Figura 1. Detección del gen Ryadg para resistencia al virus PVY de la papa, utilizando el MM RySC3, representada por el fragmento de 320 pb.**

1. Aurora, 2. Chota Ñawi, 3. Desireé, 4. Isabel, 5. Runa Toralapa, 6. Keila, 7. Morita, 8. Pafrita, 9. P'alta Chola, 10. Pinker, 11. Puyjuni Millla, 12. Robusta, 13. Rosada, 14. Salome, 15. Victoria, 16. Violeta, 17. Yungueñita, 18. Jaspe, 19. Waych'a C-, 20. India, 21. Papa Rosa C+, C- (de reacción).

Finalmente el marcador molecular para tizón localizó el gen de resistencia (ubicado en el cromosoma IX) en todas las variedades, con excepción de Waych'a (control negativo C-).

Estos marcadores moleculares utilizados en el estudio para asociar los genes de resistencia a múltiples factores, son un método eficiente para detectar las resistencias esperadas en las variedades evaluadas.

Los marcadores moleculares de esta forma validados, fueron posteriormente aplicados para la SAM en 15 poblaciones de papa (840 clones), que tenían sangre de especies cultivadas como: *Solanum tuberosum* subsp *andigena* (4x), *S. tuberosum* subsp *tuberosum* (4x), *S. goniocalyx* (2x), *S. phureja* (2x), *S. stenotomum* y *S. x ajanhuiri* (2x), y especies silvestres como: *S. stoloniferum* (4x), *S. iopetalum* (6x), *S. palustre* (2x) y *S. fendleri*

(2x). La aplicación de la SAM en estas poblaciones permitió la selección de 104 clones con probable resistencia a los virus PVY, PVX, al nematodo-quiste (*G. pallida*, *G. rostochiensis*), al tizón (*P. infestans*) y a la verruga (*S. endobioticum*).

Los marcadores moleculares utilizados confirmaron las resistencias de las variedades de papa evaluadas y se logró la aplicación de la SAM en clones de papa.

Podemos sugerir que el uso de la SAM para resistencia a PVY, PVX y verruga, es un método sencillo y fiable por la característica monogénica (un sólo gen) de este tipo de resistencia, pero se debe poner a punto las técnicas moleculares y requiere de la automatización del proceso. En cambio, la resistencia a tizón y nematodos es compleja y en ellos están involucrados muchos genes, por

lo que se necesita validar otros marcadores moleculares adicionales.

Con este estudio se comprobó que la SAM puede ser eficiente para seleccionar clones de papa con resistencias múltiples, contribuyendo a disminuir el proceso de selección en un 30% del tiempo respecto de un proceso convencional de selección en campo; además garantizaría la selección en campo para factores agronómicos y de rendimiento.

## Literatura consultada

- Barone, A. 2004. Molecular markers-assisted selection for potato breeding. *Am J of Potato Res.* 81: 111 – 117.
- Gebhardt, C.; D.Bellin; H. Henselewski; W. Lehmann; J. Schwarzfischer; J.P.T. Valkonen. 2006. Marker-assisted combination of major genes for pathogen resistance in potato. *Theor Appl Genet* 112: 1458–1464.
- Mosquera, T.; C. Fernández; L. Martínez; A. Acuña; D. Cuéllar. 2008. Genética de la resistencia de la papa (*Solanum tuberosum*) a patógenos. *Estado de arte. Agronomía Colombiana* 26 (1), 7-15.
- Ortega, F.; C. Lopez-Vizcon. 2012. Application of molecular marker-assisted selection (MAS) for disease resistance in a practical potato breeding programme. *Potato Res.* 2012; 55:1–13.
- Ritter, E.; J.I. Ruiz de Galarreta; M. Hernandez; G. Plata; L. Barandalla; R. López; I. Sánchez; J. Gabriel. 2009. Utilization of SSR and cDNA markers for screening known QTLs for late blight (*Phytophthora infestans*) resistance in potato. *Euphytica* 170: 77- 86.
- Sliwka, J.; H. Jakuczun; P. Kamiński; E. Zimnoch. 2010. Marker-assisted selection of diploid and tetraploid potatoes carrying Rpi-phu1, a major gene for resistance to *Phytophthora infestans*. *J Appl Genet* 51(2): 133–140.
- Veramendi, S.; M. Baldelomar; A. Terán; J. Gabriel. 2011. Marcadores moleculares asociados a genes/QTLs de resistencia para factores bióticos en nuevas variedades de papa (*Solanum tuberosum* L.) de Bolivia. *Revista Latinoamericana de la Papa* 16 (2): 209 - 232.