

ANÁLISIS DE LA ESTABILIDAD GENOTÍPICA EN EL CULTIVO DE LA PAPA (*Solanum tuberosum* L.) MEDIANTE LAS REPRESENTACIONES BILOTS

María E. González, Ana Estévez, J. G. Castillo[✉], J. L. Salomón, M. Varela, Ursula Ortiz y E. Ortiz

ABSTRACT. At the National Institute of Agricultural Sciences, for five years (1996-2001), data were taken from 12 clones and three controls (Desirée, Baraka and Red Pontiac) planted in a randomized block design and four replicates, with the objective of knowing the potato genotypic stability using Biplot method. Genotype-environment variance analysis for yield per plant was performed; the effect of environment replication was estimated and EMMI model was adjusted by means of residual matrix of Linear Model interaction. Highly significative genotype x year interaction was evident. Biplot analysis permitted to identify that 5-340-87 clon was the most stable. It was verified that technique is useful for potato breeding, since it allows to know genotype stability according to its approach to coordinate origin, and the genotypes causing significative interaction.

Key words: potatoes, genetic stability, genotype environment interaction, statistical methods

RESUMEN. Con el objetivo de determinar la estabilidad genotípica en el cultivo de la papa mediante el uso del método Biplot, se tomaron los datos provenientes de experimentos de campo con 12 clones y tres controles (Desirée, Baraka y Red Pontiac), plantados en un diseño de bloques al azar con cuatro réplicas durante cinco años (1996-2001) en el Instituto Nacional de Ciencias Agrícolas. Se realizó un análisis de varianza genotipo-ambiente para el rendimiento por planta, donde se eliminó el efecto de las réplicas en los ambientes y se ajustó un modelo AMMI. Consiste en ajustar un Biplot a la matriz de residuales de interacción del Modelo Lineal. Se evidenció la existencia de interacción altamente significativa genotipo x año. El análisis Biplot permitió identificar al clon 5-340-87 como el más estable, pudiéndose constatar que esta técnica es de utilidad para el mejoramiento en papa, ya que permite conocer la estabilidad de los genotipos de acuerdo con la proximidad al origen de coordenadas, así como los genotipos responsables de la interacción significativa.

Palabras clave: papa, estabilidad genética, interacción genotipo ambiente, métodos estadísticos

INTRODUCCIÓN

En la actualidad, en muchos países se trabaja en el mejoramiento de la papa, teniendo como vía fundamental la tradicional y a su vez se trabaja e investiga en nuevas formas que hagan más seguro y dinámico dicho trabajo.

En el caso de la papa que básicamente su reproducción es asexual, muchos individuos con el mismo genotipo (clones) pueden ser producidos y plantados en diferentes condiciones ambientales, observándose efectos marcados del ambiente sobre la expresión fenotípica de estos; por lo que la variación genotípica observada es debido a la variación genética más el efecto del ambien-

te, debiéndose trabajar por disminuir el efecto ambiental mediante el uso de diseños experimentales apropiados y ser cuidadosos en la experimentación.

Son muchos los investigadores que han estudiado la interacción del genotipo con el ambiente en el cultivo de la papa y los métodos estadísticos de análisis de los parámetros de estabilidad, como son los métodos de Ecovalencia, Finlay y Wilkinson, Everhart y Russell y de Tai, entre otros.

En la actualidad, los métodos multivariados son herramientas muy útiles para el análisis de datos y especialmente en el mejoramiento. En particular los modelos AMMI, los cuales permiten representar los resultados a partir de un Biplot, posibilitando representaciones simultáneas de individuos y variables, donde las variables pueden ser años, localidades o ambas a la vez y de esta forma se pueden identificar los genotipos más estables (1, 2).

El objetivo del trabajo fue determinar la estabilidad genotípica en el cultivo de la papa mediante la utilización del método Biplot.

Dr.C. María E. González, Investigador Auxiliar; Dr.C. Ana Estévez, Investigador Titular; Ms.C. J. G. Castillo, Investigador; Ms.C. J. L. Salomón, Investigador Agregado; Ursula Ortiz y E. Ortiz, Especialistas del Departamento de Genética y Mejoramiento Vegetal; Dr.C. M. Varela, Investigador Agregado del Departamento de Matemática Aplicada, Instituto Nacional de Ciencias Agrícolas, Gaveta Postal 1, San José de las Lajas, La Habana, Cuba, CP 32 700.

✉ juanc@inca.edu.cu

MATERIALES Y MÉTODOS

Los experimentos se realizaron en el área central del Instituto Nacional de Ciencias Agrícolas (INCA), San José de las Lajas, a 23°00' de latitud norte, 32°12' de longitud oeste y 130 m snm, en la provincia de La Habana, sobre un suelo Ferralítico Rojo Compactado (3) durante los meses comprendidos de diciembre a marzo y entre los años 1996 y 2001. Se plantaron doce clones y tres variedades controles (Desirée, Baraka y Red Pontiac), sobre un diseño de bloques al azar con cuatro réplicas y parcelas de cuatro surcos de 16 plantas, donde se evaluó el rendimiento por planta (kg). Las labores culturales y fitosanitarias se realizaron según los instructivos técnicos para el cultivo (4). La distancia de plantación utilizada fue de 0.90 m entre surcos y 0.25 m entre plantas.

Se realizaron análisis de varianza de clasificación doble con arreglo factorial (15x5), donde los factores fueron genotipos y años. Se eliminó el efecto de réplicas en los años y las medias fueron comparadas según la prueba de rangos múltiples de Duncan ($p < 0.05$).

Con los cinco mejores genotipos y las variedades controles se ajustó un modelo AMMI (5), es decir, se aplicó un Biplot a la matriz de interacciones, en la que cada fila correspondió a un clon y cada columna a un año. Se utilizaron como individuos a los genotipos y como variables a los años.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

En la Tabla I se presentan los resultados del análisis de varianza de doce clones y tres controles para el rendimiento por planta, donde se observaron diferencias altamente significativas entre las fuentes de variación años, genotipos y la interacción genotipos por años.

Tabla I. Análisis de varianza para el rendimiento por planta (kg) en cinco años (generaciones clonales)

Fuentes de variación	Grados de libertad	Cuadrado medio
Réplicas en años	15	0.06***
Años (A)	4	0.79***
Genotipos (G)	14	0.28***
G x A	56	0.03***
Error	210	0.01
X ± EE		0.64±0.05

El comportamiento diferencial de los genotipos para el carácter rendimiento en los años de estudio, conllevó a la existencia de interacción genotipo por año y manifestó la gran influencia que ejerce el ambiente sobre el rendimiento (6). El rendimiento es un carácter poligénico y no presenta un control genético directo, que está muy influido por las condiciones ambientales (7, 8).

Los genes no pueden hacer que se desarrolle un carácter si no tiene el medio ambiente adecuado (8) y, al contrario, ninguna manipulación del medio hará que se desarrolle una cierta característica si no están presentes

los genes necesarios. Aunque debemos conocer que la variabilidad observada en algunos caracteres es debida fundamentalmente a la diferencia en los genes que llevan los diferentes individuos y la observada en otros se debe sobre todo a la diferencia en las condiciones ambientales a que han sido expuestos los individuos.

En la Tabla II se presenta el comportamiento de las medias para el rendimiento por planta de los cinco mejores clones y los controles, destacándose los clones 5-460-87 y 5-84-87 con los mayores valores y diferencias significativas de los controles en los diferentes años (generaciones).

Después de conocer la existencia de interacción genotipos por años, se procedió al análisis de la estabilidad genotípica mediante el empleo de las representaciones Biplots; es decir, mediante una representación gráfica conjunta en dimensión reducida de los residuales de interacción de segundo orden correspondiente al análisis de varianza (9).

Tabla II. Comportamiento de las medias para el rendimiento de los cinco mejores clones y los controles

No. orden	Genotipos	Años	Rendimiento (kg)
1	5-460-87	A1	0.710 fghijklmnnop
		A2	1.270 a
		A3	0.780 defghi X=0.896
		A4	0.960 bc
		A5	0.760 defghijk
2	5-84-87	A1	0.760 defghijk
		A2	1.050 b
		A3	0.720 efghijklmnn
		A4	0.900 bcd X=0.844
		A5	0.790 cdefgh
3	5-340-87	A1	0.590 jklmnnopqrstu
		A2	0.890 bcde
		A3	0.720 efghijklmnn
		A4	0.740 efghijklm X=0.740
		A5	0.760 defghijk
4	5-1-87	A1	0.610 hijklmnnopqr
		A2	1.030 a
		A3	0.550 nnnopqrstu
		A4	0.590 jklmnnopqrstu
		A5	0.760 defghijk X=0.708
5	5-15-87	A1	0.690 hijklmnnopq
		A2	0.840 cdef
		A3	0.510 qrstuv X=0.692
		A4	0.580 jklmnnopqrstu
		A5	0.840 cdef
6	Desirée (control)	A1	0.340 vw
		A2	0.550 nnnopqrstu
		A3	0.470 rstuvw X=0.476
		A4	0.420 rstuvw
		A5	0.600 hijklmnnopqrs
7	Baraka (control)	A1	0.400 uvw
		A2	0.850 cdef
		A3	0.670 fghijklmnnopq
		A4	0.580 jklmnnopqrstu
		A5	0.530 opqrstu...X=0.606
8	R.Pontiac (control)	A1	0.420 w
		A2	0.690 fghijklmnnopq
		A3	0.530 pqrstu...X=0.574
		A4	0.600 hijklmnnopqrs
		A5	0.630 ghijklmnnopqr

*** significativo para $p < 0.001$ 0.690 + 0.05 ***

En la Tabla III se aprecia que los dos primeros ejes explican el 87.77 % de la variabilidad total, de la cual el 54.96 % corresponde al eje 1.

Tabla III. Inercia explicada por cada factor (eje)

	Factor 1	Factor 2
Valor propio	0.376	0.290
Inercia acumulada (%)	54.96	87.77

Como se puede observar en la Tabla IV, los genotipos bien representados en el eje 1 son el 5-460-87, el 5-15-87 y el control Desirée, mientras que en el eje 2 fueron el 5-340-87, el 5-1-87 y la Red Pontiac. La variedad Baraka está representada en los dos ejes y el clon 5-84-87 no quedó bien representado.

Tabla IV. Contribuciones relativas del factor al elemento filas (genotipos)

No. orden	Genotipos	Eje 1	Eje 2	Total	Explicado (%)
1	5-460-87	916	68	984	98.4
2	5-84-87	207	60	267	26.7
3	5-340-87	38	947	985	98.5
4	5-1-87	0	782	782	78.2
5	5-15-87	701	290	991	99.1
6	Desirée ©	655	323	978	97.8
7	Baraka ©	409	367	776	77.6
8	Red Pontiac©	205	566	771	77.1

Si consideramos que los dos componentes deben sumar 1000, esto significa que al quedarnos con dos componentes, los clones 5-15-87, 5-340-87, 5-460-87 y la Desirée fueron los que alcanzaron los mejores porcentajes de explicación en ambos ejes, con valores superiores al 97 %.

Al hacer un análisis similar para los años (Tabla V), vemos que los años dos y cinco quedaron bien representados en el primer eje, mientras que el año tres hace una mayor contribución al segundo eje, y el primer año está representado de forma similar en ambos ejes.

Tabla V. Contribuciones relativas del factor al elemento columnas (años)

Años	Eje 1	Eje 2	Total	Explicado (%)
1	441	415	856	85.6
2	631	306	937	93.7
3	22	876	898	89.8
4	416	144	560	56.0
5	963	5	968	96.8

Los años cinco y dos presentaron los mayores porcentajes de explicación, con 96.8 y 93.7 % respectivamente.

La representación grafica del análisis Biplot de los genotipos y los años estudiados se presentan en la Figura 1, donde se aprecia que el genotipo 5-84-87 (C2) es el más cercano al origen de coordenadas; sin embargo, este clon está mal representado como se pudo ver en la Tabla IV, no pudiéndose analizar, por lo que el clon 5-340-87 (C3)

es el más estable, ya que este análisis considera como genotipo más estable al que se encuentre más próximo al origen de coordenadas.

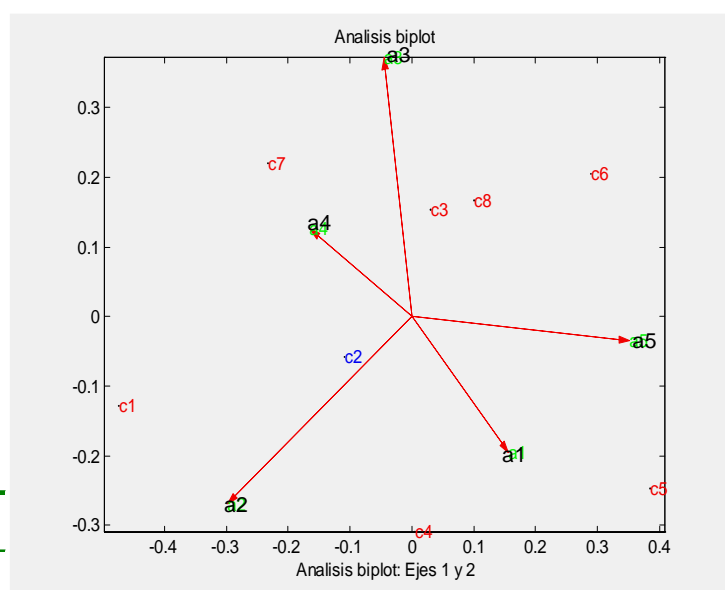


Figura 1. Representación grafica de los genotipos y años

El eje 1 contrapone los clones 5-460-87 (C1) y la variedad Baraka (C7) del clon 5-15-87 (C5) y la variedad Desirée (C6). Los dos primeros se caracterizan por presentar valores altos del rendimiento en el año dos y bajo en el año cinco, mientras que la variedad Desirée (C6) y el clon 5-15-87 (C5) alcanzaron rendimientos altos en ambos años. Por otra parte, el eje dos muestra un comportamiento negativo del clon 5-1-87 (C4) fundamentalmente en el año tres; de la misma forma, presenta una interacción positiva (rendimiento alto) en el año dos.

Los resultados encontrados pusieron de manifiesto la existencia de interacción altamente significativa genotipo por año para el rendimiento.

El análisis Biplot permitió identificar al clon 5-340-87 como el más estable, pudiéndose constatar que esta técnica es de utilidad para el mejoramiento en papa, ya que permite conocer la estabilidad de los genotipos de acuerdo con la proximidad al origen de coordenadas, así como los genotipos responsables de la interacción significativa.

REFERENCIAS

1. Van Eeuwijk, F. A. y Kroonenberg, P. M. Multiplicative models for interaction in three-way ANOVA, with Applications to plant breeding. *Biometrics*, 1998, vol. 54, p. 1315-1333.
2. Van Eeuwijk. Linear and bilinear models for the analysis of multi-environment trials: An inventory of model's variety trials. *Euphytica*, 1995, vol. 84, p. 1-7.
3. CUBA-MINAGRI. Instituto de Suelos. Nueva versión de clasificación genética de los suelos de Cuba. La Habana : Agrinfor, 1999, 64 p.

4. CUBA-MINAGRI. Normas técnicas para el cultivo de la papa. La Habana, Ministerio de la Agricultura, 1990, 126 p.
5. Varela, M. Los métodos Biplots como herramientas de análisis de interacción de orden superior en un Modelo Lineal/Bilineal, 2002. Tesis de Doctorado. Tutor: J. L. Vicente Villardón, Universidad de Salamanca, 2002.
6. Zamora, N.; Estévez, A.; Sánchez, H.; Salomón, J. L.; González, M. E.; Cordero, M.; Morales, A. y Rodríguez, J. M. Evaluación de nuevas variedades de papa (*Solanum tuberosum* L.), en diferentes ambientes en la República de Cuba. *Agrotecnia de Cuba*, 1997, vol. 26, no. 2.
7. Caldis, D. O. Genetic improvement of yield, crop genetic improvement and associated physiological changes in the potato. 1994, Parkville, Marcel Dekker, 411 p. Universidad de Salamanca. Tutor: Vicente Villardón, J. L., 1994.
8. Vayda, M. E. Environmental stress and its impact on potato yield, 1994. En: *Potato Genetic*. Wallingford, CAB International. p. 3-42, 1994.
9. Amaro, R. I. Manova-biplot para un diseño con varios factores basados en modelos lineales generales multivariantes. 2001, Tesis de Doctorado. Universidad de Salamanca. Tutor Vicente Villardón, J. L., 2001.

Recibido: 19 de junio del 2002

Aceptado: 21 de octubre del 2002

Cursos de Verano

Precio: 200 USD

Uso de técnicas biotecnológicas y nucleares en el mejoramiento genético para la tolerancia al estrés abiótico

Coordinador: Dra.C. María C. González Cepero

Duración: 30 horas

Fecha: 1 al 5 de julio

SOLICITAR INFORMACIÓN

Dr.C. Walfredo Torres de la Noval
Dirección de Educación, Servicios Informativos
y Relaciones Públicas
Instituto Nacional de Ciencias Agrícolas (INCA)
Gaveta Postal 1, San José de las Lajas,
La Habana, Cuba. CP 32700
Telef: (53) (64) 6-3773
Fax: (53) (64) 6-3867
E.mail: posgrado@inca.edu.cu