

**SELECCIÓN DE GENOTIPOS DE PAPA *Solanum tuberosum* grupo *andigena*
POR SU RESISTENCIA A *Phytophthora infestans* (Mont) de Bary**

JUAN JOSE LAGOS REGALADO

**UNIVERSIDAD DE NARIÑO
FACULTAD DE CIENCIAS AGRÍCOLAS
PROGRAMA DE INGENIERÍA AGRONÓMICA
SAN JUAN DE PASTO
2019**

**SELECCIÓN DE GENOTIPOS DE PAPA *Solanum tuberosum* grupo *andigena*
POR SU RESISTENCIA A *Phytophthora infestans* (Mont) de Bary**

JUAN JOSE LAGOS REGALADO

Trabajo de grado presentado como requisito para optar a título de Ingeniero
Agrónomo

**UNIVERSIDAD DE NARIÑO
FACULTAD DE CIENCIAS AGRÍCOLAS
PROGRAMA DE INGENIERÍA AGRONÓMICA
SAN JUAN DE PASTO
2019**

NOTA DE RESPONSABILIDAD

“Las ideas y conclusiones aportadas en el trabajo de grado, son responsabilidad de los autores”

Artículo 1 del acuerdo N° 324 de octubre 11 de 1966, emanado del Honorable Consejo Directivo de la Universidad de Nariño.

“La Universidad de Nariño no se hace responsable de las opiniones o resultados obtenidos en el presente trabajo y para su publicación priman las normas sobre el derecho de autor”

Artículo 13, Acuerdo N° 005 de 2010, emanado del Honorable Consejo Directivo de la Universidad de Nariño.

Nota de aceptación

HERNANDO CRIOLLO ESCOBAR I.A., Dr.
Jurado

JAVIER GARCIA ALZATE I.A., Dr.
Jurado

TULIO CESAR LAGOS BURBANO I.A., Dr.
Presidente de Trabajo de Grado

AGRADECIMIENTOS

A mis padres Juan y Miriam, por su incondicional apoyo y consejo.

A mis hermanos Jessika y Ernesto, mi tesoro máspreciado.

A mi tío Cesar, por su apoyo.

A Lolita, mi abuela y amor de mi vida

A Víctor Juan, mi abuelo y mayor fuente de inspiración

A la memoria de mi abuela Alba Liz

Al Grupo de Investigación en Producción de Frutales Andinos

A la Universidad de Nariño, mi Alma Mater

A mis amigos Henry y Nena.

**SELECCIÓN DE GENOTIPOS DE PAPA *Solanum tuberosum* grupo *andigena*
POR SU RESISTENCIA A *Phytophthora infestans***

**SELECTION OF POTATO GENOTYPES *Solanum tuberosum* group *andigena*
FOR THEIR RESISTANCE TO *Phytophthora infestans***

RESUMEN

Phytophthora infestans es el problema biótico más limitante de la papa en el mundo y Colombia. Es un patógeno que amenaza la sostenibilidad del cultivo puesto que las variedades que utiliza el agricultor son en su mayoría susceptibles a la enfermedad, de ahí que es necesario evaluar colecciones de trabajo por su reacción ante el patógeno, con el fin de identificar genotipos que muestren tolerancia a la enfermedad. El objetivo de este trabajo fue seleccionar genotipos de *Solanum tuberosum* grupo *andigena* por su comportamiento ante *P. infestans*. Este trabajo se realizó bajo condiciones del Altiplano de Pasto, Sur de Colombia a 2820msnm. Se evaluaron 79 introducciones de papa guata, incluyendo Capiro, Betina y Pastusa Suprema como controles susceptibles y resistentes. Se registró el número de tallos y estolones por planta. Se hicieron evaluaciones de severidad y de variables relacionadas con el área bajo la curva de progreso de la enfermedad. En la cosecha, se consignaron los valores de rendimiento por planta y sus componentes. Los análisis de Componentes Principales y de Clasificación discriminaron introducciones tolerantes de susceptibles. Se encontraron correlaciones significativas positivas entre el rendimiento con el número de estolones, tubérculos por planta y peso de tubérculo y correlaciones negativas con severidad y área bajo la curva de progreso de la enfermedad relativo. Las introducciones seleccionadas mostraron alto rendimiento por planta y en su mayoría severidades menores a la población. UdenarStGua53, UdenarStGua61, UdenarStGua68, UdenarStGua73, UdenarStGua75, UdenarStGua77 y UdenarStGua78 provenientes del CIP se confirma como fuente de resistencia a *P. infestans*.

Palabras clave: Gota, tizón tardío, comportamiento, clasificación, susceptibilidad, resistencia, tolerancia

ABSTRACT

Phytophthora infestans is the most limiting biotic problem of potato crop in the world and Colombia. It is a pathogen that threatens the sustainability of the crop since the varieties used by the farmer are mostly susceptible to the disease, therefore it is necessary to evaluate work collections of potatoe for their reaction to the pathogen, in order to identify genotypes that show disease tolerance. The objective of this work was to select genotypes of *Solanum tuberosum* group *andigena* for their reaction to *P. infestans*. This work was realized under conditions of Pasto highlands in the South of Colombia at 2820 masl. 79 introductions of wadding potatoes were evaluated, including Capiro, Betina and Pastusa Suprema as susceptible and resistant controls. The number of stems and stolons per plant was recorded. Severity assessments and variables related to the area under the disease progress curve were made. At harvest, yield values per plant and its components were recorded. Principal Component and Classification analyzes discriminated tolerant introductions of susceptible. Significant positive correlations were found between the yield with the number of stolons, tubers per plant and tuber weight and negative correlations with severity and area under the relative disease progress curve. The selected introductions showed high yield per plant and mostly minor severities to the population. UdenarStGua53, UdenarStGua61, UdenarStGua68, UdenarStGua73, UdenarStGua75, UdenarStGua77 y UdenarStGua78, coming from the CIP is confirmed as a source of resistance to *P. infestans*.

Keywords: Gout, late blight, behavior, classification, susceptibility, resistance, tolerance.

INTRODUCCIÓN

El cultivo de la papa es una de las actividades agrícolas más extendidas en Colombia. Su producción se distribuye en 283 municipios, principalmente en los departamentos de Cundinamarca, Boyacá, Nariño, Antioquia, Santander, Norte de Santander, Cauca, Tolima y Caldas, con una participación del 3,3% en el PIB nacional. Para el año 2017, se reportaron 169.002 has con una producción de 3´740.000 t. De su cultivo, se benefician 110.000 familias y genera 75.000 empleos directos y 189.000 empleos indirectos. En un 94%, se consume principalmente como producto fresco y el 6% se utiliza en la industria (Fedepapa 2017, Agronet, 2018).

La papa es una de las especies cultivadas que presenta mayor diversidad genética, con especies diploides, triploides, tetraploides y pentaploides, de las cuales, la gran

mayoría se encuentran en la zona andina de América del Sur. En los Andes, el género está representado por ocho especies cultivadas y alrededor de 200 silvestres. La rica diversidad de las especies cultivadas está incluida en una serie poliploide ($2n = 24, 36, 48$ y 60 cromosomas), que incluye 4000 variedades comestibles, con alto potencial genético para el rendimiento y amplia adaptabilidad a diferentes climas, lo que le ha permitido convertirlo en uno de los cultivos de mayor importancia para la alimentación mundial (Estrada, 2000).

Sin embargo, el cultivo está sometido a diferentes problemas bióticos y abióticos que amenazan su desarrollo sostenible. En este sentido, uno de los principales problemas de campo, no solo en Colombia, sino a nivel mundial es el tizón tardío o gota causado por *Phytophthora infestans* (Mont) de Bary, un patógeno perteneciente a la clase Oomycete, al reino Chromista y filogenéticamente relacionado con las Diatomeas y algas pardas. Este hongo se desarrolla rápidamente en condiciones de alta humedad y puede sobrevivir por días e incluso semanas; aunque sus esporangios no soportan temperaturas de congelación (Pérez y Forbes, 2008). La principal estrategia adoptada por los agricultores para el control de este patógeno es la aplicación de fungicidas, práctica que ha representado entre el 10 y 29,9% de los costos de producción (García *et al.*, 2008; Juyó *et al.*, 2011).

Una de las alternativas para resolver los problemas bióticos de los cultivos, es poder encontrar cultivares con resistencia genética, la cual puede integrarse al control químico para reducir el uso de fungicidas, reducir el costo de producción y reducir los daños a la salud humana y al medio ambiente (García *et al.*, 2008; Pérez y Forbes, 2008). La obtención de cultivares tolerantes o resistentes al Tizón tardío pueden proveer una protección adicional al cultivo a lo largo del tiempo, reduciendo el riesgo de pérdidas por la enfermedad y/o los costos que representa el control químico en cada ciclo del cultivo (Huarte y Capezio, 2003; Muñoz *et al.*, 2019).

En el caso de *P. infestans*, se han realizado investigaciones en diversos campos del mejoramiento genético convencional, la biotecnología, el mejoramiento genético asistido por marcadores moleculares hasta la transformación genética. En este orden de ideas, Cristinzio y Testa (2019) utilizaron la técnica de exudación de electrolitos vegetales causado por el filtrado de cultivo del patógeno para detectar en el sistema planta-patógeno la resistencia genética bajo condiciones in-vitro de diez cultivares de papa a *P. infestans* con ocho cepas. Se usó la fuga de electrolitos para el cribado de tejidos de hojas y tubérculos con filtrados de cultivo fúngico. Bajo los ensayos con hojas o tubérculos con casi todos los cultivares hubo diferencias estadísticas en la susceptibilidad, mientras que la resistencia de hojas no se correlacionó con la resistencia de los tubérculos. La variedad Ajax fue la menos susceptible en las pruebas de hoja y tubérculo, mientras que Prima fue la más susceptible en las pruebas de tubérculos.

Uno de los indicios de la tolerancia a *P. infestans* en cultivares de papa es la presencia de genes de resistencia R1 y R2. Díaz *et al.* (2003) evaluaron diferentes genotipos de *S. tuberosum* grupo *tuberosum* en función de su resistencia a *P. infestans* y la detección molecular vía PCR de genes R1 y R2. Los resultados mostraron una fuerte correspondencia fenotípica y genotípica respecto a la presencia de alelos R1 y R2 en los diferentes materiales genéticos de papa que contenían uno u otro alelo.

Una propuesta para la transformación genética de papa mediante *Agrobacterium tumefaciens*, es la que desarrollaron López y Chaparro (2003), quienes transformaron materiales genéticos pertenecientes a *S. tuberosum* grupo *andigena* mediante el vector pCambia2301, el cual posee un gen codificante de la β -glucoronidasa y un gen resistente a la kanamicina obteniendo así un porcentaje de transformación del 2,5%. Los resultados de esta investigación indican que el proceso de transformación vía *A. tumefaciens* es dependiente del material vegetal que se use en el proceso y que muchos de los procedimientos usados para la modificación genética mediante este protocolo son ineficientes sobre la subespecie

andigena. En este sentido, Román *et al.* (2015) obtuvieron plantas genéticamente modificadas de la variedad Desire mediante la incorporación vía *A. tumefaciens* del vector binario pCIP68 que contenía genes de resistencia a *P. infestans* conocidos como RB presentes en la especie *Solanum bulbocastanum*. Ellos reportaron 19 plantas transformadas genéticamente, de las cuales, tres presentaron un alto nivel de resistencia al aislamiento POX067 de *P. infestans* linaje clonal EC1.

En el campo del mejoramiento tradicional, en países de Sur América y Centroamérica, se ha realizado evaluación de germoplasma y se han empleado métodos de cruzamientos inter e intraespecíficos, retrocruzamientos y selección recurrente para obtener nuevos cultivares más productivos con resistencia a *P. infestans* (Gabriel *et al.*, 2001; Barquero *et al.*, 2005; Solano *et al.*, 2014). En Colombia, Rodríguez *et al.* (2009) obtuvieron tres nuevas variedades de papa criolla registradas como Criolla Latina con rendimientos entre 18 a 20 t.ha⁻¹, Criolla Paisa con rendimientos de 22 a 25 t.ha⁻¹ y Criolla Colombia con rendimientos de 13 a 15 t.ha⁻¹. Las dos primeras se reportaron con resistencia moderada a *P. infestans*, mientras que la última, como sensible a éste patógeno.

Acorde con lo anterior, es necesario aumentar la probabilidad de encontrar una resistencia duradera y para ello, se debe ampliar la base genética de la resistencia, con base en la evaluación del germoplasma disponible en un programa de mejora genética; además, se deben buscar fuentes de resistencia en el germoplasma silvestre (Forbes y Huarte, 2014) para poder mejorar las variedades tradicionales, que generalmente son susceptibles al Tizón tardío. Por lo tanto, el objetivo de este trabajo fue seleccionar genotipos de papa guata *Solanum tuberosum* grupo *andigena* por su comportamiento ante el inoculo natural de Gota *Phytophthora infestans* (mont) de Bary, bajo condiciones del Altiplano de Pasto, Sur de Colombia.

MATERIALES Y MÉTODOS

Material genético. Se utilizaron 79 materiales genéticos de papa (Tabla 1), de los cuales 43 se introdujeron desde el Centro Internacional de la Papa (CIP-Perú) el 18 de julio del año 2016, 32 pertenecen a la colección de trabajo de la Universidad de Nariño (UDENAR), tres provienen de la Universidad Nacional de Colombia (UNAL) sede Bogotá y corresponden a las variedades mejoradas Betina, Única y Parda Suprema y nueve se obtuvieron de la Colección Central Colombiana a cargo de AGROSAVIA (Corporación Colombiana de Investigación Agropecuaria). De esta población, el material genético susceptible al Tizón tardío *P. infestans* fue la variedad Capiro, mientras que Betina es moderadamente resistente y Pastusa Suprema es altamente resistente (UNAL, 2019). Estas variedades fueron utilizadas como comparadores de susceptibilidad y resistencia a nivel de campo.

Tabla 1. Población de 76 introducciones de *Solanum tuberosum* grupo *andigena* evaluada por su comportamiento ante el inóculo natural de *P. infestans*, bajo condiciones del Altiplano de Pasto, Sur de Colombia.

ID	Introducción	Origen	Nombre - Pedigree
7	UdenarStGua07	UNAL-Colombia	Betina
12	UdenarStGua12	Colombia	Brasilera M4
13	UdenarStGua13	Colombia	UdenarStGua08- boladesal (Pan-Cum-Nr)-05/1997(Clon001)
20	UdenarStGua20	UNAL-Colombia	Unica M2 (Unica Vieja La Cocha)
21	UdenarStGua21	Colombia	Guata 21 (Surco21)
22	UdenarStGua22	Colombia	Guata 23 (Surco23)
23	UdenarStGua23	Colombia	Guata 25 (Chola Surco 25)
24	UdenarStGua24	Colombia	Capiro Certificada M2 (Capiro)
25	UdenarStGua25	Colombia	Chola Ecuatoriana
26	UdenarStGua26	Colombia	Guata Negra Cordoba
27	UdenarStGua27	Colombia	Nevada M6
28	UdenarStGua28	Colombia	Pamba Lisa
29	UdenarStGua29	Colombia	Parda Pastusa Surco 22 M2
30	UdenarStGua30	Colombia	Roja Nariño M1 [UdenarStGua05-Des4(Jr-Pso-Nr)-04/015(P1-s1)]
31	UdenarStGua31	UNAL-Colombia	Suprema Certificada M2 (Suprema)
33	UdenarStGua33	Colombia	Capiro blanca M6
34	UdenarStGua34	Colombia	Capiro vieja M1 (Capiro Vieja La Cocha)

35	UdenarStGua35	Colombia	Guata Carriza M5[UdenarStGua07-carriza (Pan-Cum-Nr)-05/1997(Clon001)]
36	UdenarStGua36	Colombia	Guata M5 Gualcala (Guata Gualcala)
38	UdenarStGua38	Colombia	NN Roja Huila M3
39	UdenarStGua39	Colombia	Parda Suprema M6
40	UdenarStGua40	Colombia	Roja Huila M6
41	UdenarStGua41	Colombia	San Pedro Invernadero
42	UdenarStGua42	CORPOICA	15060096 - CARETA AMARILLA
43	UdenarStGua43	CORPOICA	15061202 - YANA MATAJ
44	UdenarStGua44	CORPOICA	15062408 - RONCILLA
45	UdenarStGua45	CORPOICA	15062413 - TOCANA BLANCA
46	UdenarStGua46	CORPOICA	15062424 - COLOMBIANA
47	UdenarStGua47	CORPOICA	15062453 - INDUSTRIE
48	UdenarStGua48	CORPOICA	15062461 - AC-25 904 X
49	UdenarStGua49	CORPOICA	15062462 - GUETAR
50	UdenarStGua50	CORPOICA	15062495 - PENTHLAND CROWRE
53	UdenarStGua53	CIP-Perú	CIP 300046.22- [(392973.48= (95.048)) x(393613.2=(TX.2))]
54	UdenarStGua54	CIP-Perú	CIP 300056.33
55	UdenarStGua55	CIP-Perú	CIP 377744.1 Kori-INIA- [(M-1266-14 MEX) x (374035.1)]
56	UdenarStGua56	CIP-Perú	CIP 380496.6 Chagllina-INIA- [(INDIA-1058 B) x (XY BULK)]
57	UdenarStGua57	CIP-Perú	CIP 384866.5 Amarilis-INIA- [(376724.1=(85LB70.5)) x (BULK PRECOZ)]
58	UdenarStGua58	CIP-Perú	CIP 387164.4 LBr-40- [(382171.10) x(575049=(CEW-69-1))]
59	UdenarStGua59	CIP-Perú	CIP 389746.2- [(381379.9) x(386614.16=(XY.16))]
60	UdenarStGua60	CIP-Perú	CIP 391002.6- [(386209.1) x (386206.4)]
61	UdenarStGua61	CIP-Perú	CIP 391011.17- [(387041.12) x (386206.4)]
62	UdenarStGua62	CIP-Perú	CIP 391046.14- [(386209.1) x (387338.3)]
63	UdenarStGua63	CIP-Perú	CIP 391058.175- [(387170.16) x (387338.3)]
64	UdenarStGua64	CIP-Perú	CIP 391580.30
65	UdenarStGua65	CIP-Perú	CIP 391691.96 INIA 309; SERRANITA- [(381381.9) x (LB-CUZ.1)]
66	UdenarStGua66	CIP-Perú	CIP 392285.72- [(36.14) x (382157.30)]
67	UdenarStGua67	CIP-Perú	CIP 392633.64- [(387132.2) x (387334.5)]
68	UdenarStGua68	CIP-Perú	CIP 392657.171- [(387341.1) x (387170.9)]
69	UdenarStGua69	CIP-Perú	CIP 392657.8- [(387341.1) x (387170.9)]
70	UdenarStGua70	CIP-Perú	CIP 393073.179- [(387015.13) x (389746.2)]
71	UdenarStGua71	CIP-Perú	CIP 393077.159- [(387348.20) x (389746.2)]
72	UdenarStGua72	CIP-Perú	CIP 393079.24- [(387004.13) x (390357.4)]
73	UdenarStGua73	CIP-Perú	CIP 393079.4- [(387004.13) x (390357.4)]
74	UdenarStGua74	CIP-Perú	CIP 393220.54- [(381400.22) x (387170.9)]
75	UdenarStGua75	CIP-Perú	CIP 393280.82- [(387015.3) x(386316.14=(XY.14))]

76	UdenarStGua76	CIP-Perú	CIP 393371.159- $[(387170.16) \times (389746.2)]$
77	UdenarStGua77	CIP-Perú	CIP 393371.164- $[(387170.16) \times (389746.2)]$
78	UdenarStGua78	CIP-Perú	CIP 393371.58 INIA 310; Chucmarina- $[(387170.16) \times (389746.2)]$
79	UdenarStGua79	CIP-Perú	CIP 393382.44- $[(387205.5) \times (387338.3)]$
80	UdenarStGua80	CIP-Perú	CIP 394611.112- $[(780280=(PW-88-6203)) \times (676008=(I-1039))]$
82	UdenarStGua82	CIP-Perú	CIP 394904.20- $[(720118.1=(37-35A)) \times (C90.205)]$
83	UdenarStGua83	CIP-Perú	CIP 395112.32- $[(391686.15) \times (393079.4)]$
84	UdenarStGua84	CIP-Perú	CIP 395193.6- $[(388611.22= (C91.612)) \times (C92.030)]$
85	UdenarStGua85	CIP-Perú	CIP 395438.1
86	UdenarStGua86	CIP-Perú	CIP 395446.1- $[(BWH-87.446R) \times (393613.2=(TX.Y.2))]$
87	UdenarStGua87	CIP-Perú	CIP 396012.266- $[(391004.10) \times (393280.58)]$
89	UdenarStGua89	CIP-Perú	CIP 396034.268- $[(393042.50) \times (393280.64)]$
90	UdenarStGua90	CIP-Perú	CIP 396038.101- $[(393077.54) \times (393280.64)]$
91	UdenarStGua91	CIP-Perú	CIP 396285.1- $[(393617.1=(TX.Y.11)) \times (104.12 LB)]$
93	UdenarStGua93	CIP-Perú	CIP 397196.3- $[(392797.22) \times (388611.22 = (C91.612))]$
94	UdenarStGua94	CIP-Perú	CIP 398190.404- $[(393077.54) \times (392639.2)]$
95	UdenarStGua95	CIP-Perú	CIP 398192.41- $[(393077.54) \times (392633.54)]$
97	UdenarStGua97	CIP-Perú	CIP 398193.553- $[(393077.54) \times (392633.64)]$
99	UdenarStGua99	CIP-Perú	CIP 399053.15- $[(395230.1) \times (395322.11)]$
100	UdenarStGua100	CIP-Perú	CIP 399075.7
T	Testigo (T)	Colombia	Capiro

Localización. Se instaló un ensayo preliminar en la granja Experimental Botana de la Universidad de Nariño, ubicada a 2820 msnm, 1°09'28,3"LN y 77°16'29,5"LO, con una humedad relativa de 82%, temperatura media de 12°C y una precipitación de 800 mm. La zona está clasificada climáticamente como un bosque húmedo montano bajo, con suelos Andisoles arcillosos arenosos (IDEAM, 2016; IGAC, 2005). La instalación del experimento se realizó el 15 de marzo de 2018.

Montaje del experimento. Los genotipos evaluados se dispusieron en un área experimental total de 581 m², con una distancia entre surcos de 1,20 m y distancia entre plantas de 0,4 m con aplicación previa de cal y materia orgánica, para una densidad de siembra de 20833 plantas.ha⁻¹. El área de la parcela fue de 1,44 m². Cada genotipo se ubicó en forma aleatoria en cada parcela, la cual contenía tres plantas. Cada cinco parcelas, se colocó una parcela con la variedad susceptible

Capiro como origen del inoculo. Cada siete días, se realizaron aplicaciones de insecticidas como Engeo ($2 \text{ cm}^3/\text{L}$) y Fulminator ($0,75 \text{ cm}^3/\text{L}$). Además, se aplicaron fungicidas como Carbendazim ($1 \text{ cm}^3/\text{L}$) y Difenconazol ($1 \text{ cm}^3/\text{L}$), con el fin de proteger a las plantas de otros patógenos y lograr así su uniformidad.

La primera fertilización edáfica se realizó a los 20 días y la segunda a los 40 días después de la siembra. Se aplicaron $840 \text{ kg} \cdot \text{ha}^{-1}$ de la fórmula 10-30-10 por planta. Adicionalmente se realizaron aplicaciones periódicas con fertilizante foliar Fertitec en dosis de $5 \text{ cm}^3/\text{L}$. Igualmente, se realizaron dos aporques.

Variables evaluadas. En la fase vegetativa, se registró el número de tallos y estolones por planta. Cada 14 días se hicieron las evaluaciones de severidad (SEV) de la enfermedad causada por la Gota o Tizón tardío. En la cosecha, se consignaron los valores de rendimiento por planta y sus componentes. Enseguida se describe la metodología para la toma de datos de cada una de las variables antes descritas.

Número de tallos por planta (NT). En cada parcela se realizó el conteo del número de tallos por planta.

Severidad (SEV). Las evaluaciones periódicas de SEV se realizaron hasta los 134 días después de la siembra. En cada planta de la parcela, al azar se marcó una hoja del tercio medio, en la cual se hicieron las evaluaciones periódicas de SEV. Se utilizó la escala propuesta por Clive (1970) para la calificación del área foliar afectado por la presencia del patógeno (Figura 1). La escala propone valores de 1, 10, 25, 50, 75 y 100%. A valores más altos de SEV, mayor será la susceptibilidad del genotipo evaluado.

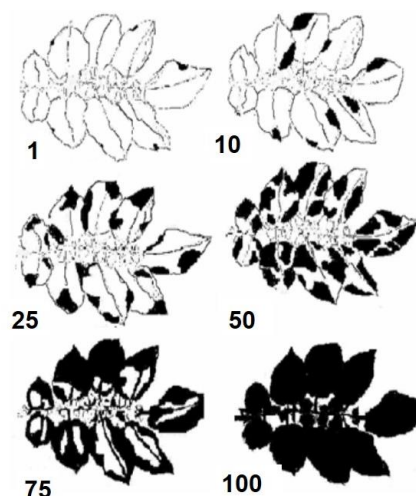


Figura 1. Escala de Clive (1977) para el porcentaje de severidad de *P. infestans* en hojas de *S. tuberosum*, modificada por Betancourth et al. (2008).

Área bajo la curva de progreso de la enfermedad (AUDPC). El AUDPC es una variable que estima la cantidad de enfermedad a lo largo del ciclo del cultivo. Se calcula mediante la siguiente fórmula propuesta por Campbell y Madden (1990):

$$AUDPC = \sum_{i=1}^{n_i-1} \frac{(Y_i + Y_{i+1})}{2} (t_{i+1} - t_i)$$

Dónde: t = tiempo de cada lectura, Y_i = porcentaje de follaje afectado en cada lectura y n = número de lecturas.

Área bajo la curva de progreso de la enfermedad relativo (rAUDPC). El valor de rAUDPC indica la proporción del tejido infectado durante el periodo de evaluación, de manera que, genotipos con valores de severidad de 100%, mostraron un valor de rAUDPC igual a uno. Por otra parte, los valores de rAUDPC bajos indican un bajo porcentaje de infección durante el periodo de evaluación. Dichos valores corresponden a los genotipos más resistentes (Pérez y Forbes, 2008). El rAUDPC se calculó mediante la siguiente formula:

$$rAUDPC = \frac{AUDPCX_i}{(t_f - t_i)} \times 100$$

Dónde: $rAUDPC$ = área bajo la curva de progreso de la enfermedad relativo, $AUDPCX_i$ = área bajo la curva de progreso de la enfermedad del i -ésimo genotipo, t_f = tiempo de la última evaluación y t_i = tiempo de la primera evaluación.

Tasa de desarrollo de la enfermedad (TD). La TD es una variable que mide el avance de la enfermedad a lo largo del ciclo de cultivo. Para su estimación, se tomaron como referencia los valores de severidad (SEV) reportados en la primera y última evaluación. La fórmula utilizada para el cálculo de TD (Van der Planck, 1963), corresponde a:

$$TD = \frac{1}{t_1 - t_0} \left(\log e \frac{X_0}{1 - X_0} - \log e \frac{X_1}{1 - X_1} \right)$$

Dónde: TD = tasa de desarrollo de la enfermedad, X_0 = proporción de la enfermedad en el tiempo inicial, X_1 = proporción de la enfermedad en el tiempo final, t_0 = tiempo inicial que corresponde a la lectura de X_0 y t_1 = tiempo final que corresponde a la lectura de X_1 .

Disminución de la enfermedad (dAUDPC). Para el cálculo de dAUDPC en porcentaje, se aplicó la fórmula propuesta por Andrade *et al.* (2015).

$$dAUDPC = 1 - \frac{AUDPC_i}{AUDPC_t} \times 100$$

Dónde: $AUDPC_i$ = área bajo la curva de progreso de la enfermedad del i -ésimo genotipo y $AUDPC_t$ = área bajo la curva de progreso de la enfermedad de la variedad testigo.

Escala de susceptibilidad del genotipo (ESG). La ESG se calculó con base en la escala de valoración de la resistencia, tolerancia y susceptibilidad a la Gota propuesta por Yuen y Forbes (2008), teniendo un cultivar susceptible como referencia. La fórmula utilizada fue.

$$ESG = \frac{rAUDPC_{Gn}}{rAUDPC_{Gs}} \times 9$$

Dónde: $rAUDPC_{Gn}$: área bajo la curva de progreso de la enfermedad relativo del genotipo de papa (Gn) y $rAUDPC_{Gs}$ = área bajo la curva de progreso de la enfermedad relativo del genotipo de papa con mayor susceptibilidad (Gs) y 9= valor asignado al Gs.

Rendimiento (RTO). Con base en el peso de la parcela cosechada sobre el número de plantas de la parcela, el RTO se expresó en peso de tubérculos (kg) por planta,

Número de tubérculos por planta (NtuPP). Se obtuvo el promedio del NtuPP con base en las plantas de la parcela.

Número de estolones por planta (NE). Se determinó el promedio del NE con base en las plantas de la parcela.

Peso de tubérculo (Ptu). El Ptú corresponde a la relación del Rto sobre el NtuPP.

Análisis de la información. Con los datos obtenidos se realizó el Análisis de Sendero (AS), para lo cual se obtuvieron las correlaciones entre las variables RTO, NtuPP, Ptú, NT, NE, SEV, ESG, TD, dAUDPC, AUDPC y rAUDPC. ~~Con base en los coeficientes de correlación, se determinaron las variables que harían para del AS.~~ A través del programa Excel, se obtuvieron los coeficientes de sendero para establecer los efectos directos e indirectos en la asociación entre el RTO y las demás variables causales.

Igualmente, las variables evaluadas fueron sometidos al Análisis de Componentes Principales (ACP) y de Clasificación Jerárquica, teniendo en cuenta que entre dos variables altamente correlacionadas solo se incluyó en estos análisis, una de ellas, con el fin de agrupar los genotipos evaluados por variables discriminatorias como son el rendimiento y la severidad de la enfermedad. Para comprobar la hipótesis nula (H_0) de que la media del grupo es igual a la media de la población original se empleó la prueba de t , propuesta Stiles (2000), donde:

$$t_c = \frac{\bar{Y}_i - \bar{Y}_j}{\sqrt{\frac{S_i^2 + S_j^2}{n_i + n_j - 2} \times \left[\frac{n_i + n_j}{n_i \times n_j} \right]}}$$

Dónde: t_c = t calculado, $\bar{Y}_i$ = promedio de la variable en el grupo i -ésimo, $\bar{Y}_j$ = promedio de la variable en el grupo j -ésimo, S_i^2 = varianza del grupo i -ésimo, S_j^2 = varianza del grupo j -ésimo, n_i = número de individuos en el grupo i -ésimo y n_j = número de individuos en el grupo j -ésimo.

Para la regla de decisión el t_c se comparó con el t_t (t de la tabla con un $\alpha = 0,05$ y con grados de libertad igual a $n_i + n_j - 2$). Si $t_c < t_t$ se aceptaba la H_0 .

Posteriormente, se seleccionaron los genotipos de mejor comportamiento, con base en un índice de selección (IS), cuyos pesos fueron establecidos de acuerdo con la importancia de las variables relacionadas con los componentes de RTO y la enfermedad. El primer paso fue estandarizar (E) los valores de cada una de las variables que hicieron parte del IS (Lagos, 2012), mediante la siguiente ecuación:

$$E = \frac{Y_{ij} - \bar{Y}}{DE}$$

Dónde: Y_{ij} = observación de la variable j -ésima en la introducción i -ésima, $\bar{Y}$ = promedio general de la variable j -ésima en las i -ésimas introducciones y DE = desviación estándar de la variable j -ésima en las i -ésimas introducciones. Luego,

para cada introducción (Y_{ij}) se aplicó el IS, dada por la sumatoria de los productos del valor estandarizado de cada variable por su peso (P), así:

V	RTO	SEV	rAUDPC	dAUDPC	ESG	TD	NE	NT	NTuPP	PTu
P	0,6	-0,3	-0,1	0,5	-0,05	-0,05	0,08	0,07	0,1	0,15

V = variable

RESULTADOS Y DISCUSION

El Análisis de Correlación para las diez variables evaluadas (Tabla 2), permitió encontrar una asociación negativa significativa media entre RTO vs SEV ($r = -0,50^*$) y RTO vs rAUDPC ($r = -0,53^*$). Según el Análisis de Sendero (AS) de la Tabla 3, la dimensión de las correlaciones del RTO con SEV y rAUDPC esta explicada en mayor proporción por los efectos indirectos a través del NTuPP (-0,30 y -0,32) y del Ptu (-0,11 y -0,15) que por los efectos directos de SEV (-0,08) y rAUDPC (-0,01) 6). Estos resultados difieren de los encontrados por Betancourt *et al.* (2008), quienes reportan que el efecto directo de la SEV sobre el RTO, explica en un 50% la magnitud de la correlación.

Tabla 2. Análisis de Correlación para las variables relacionadas con los componentes rendimiento y de reacción a la enfermedad causada por *P. infestans* en 79 introducciones de *S. tuberosum* grupo *andigena*.

Variable	SEV	rAUDPC	dAUDPC	ESG	TD	NE	NT	NTuPP	Ptu
RTO	-0,50*	-0,53*	0,53*	-0,45*	0,07	0,70*	0,46*	0,71*	0,70*
SEV	1	0,59*	-0,59*	0,86*	-0,09	-0,50*	-0,41*	-0,49*	-0,18
rAUDPC		1	-1,00*	0,76*	-0,12	-0,59*	-0,36*	-0,53*	-0,24*
dAUDPC			1	-0,76*	0,12	0,50*	0,36*	0,53*	0,24*
ESG				1	-0,11	-0,43*	-0,34*	-0,45*	-0,18
TD					1	0,01	-0,07	0,04	0,05
NE						1	0,66*	0,94*	0,15
NT							1	0,56*	0,13
NTuPP								1	0,10

* = correlaciones significativas. RTO = rendimiento (kg/planta), SEV = severidad (%), rAUDPC = área bajo la curva de progreso de la enfermedad relativo, dAUDPC = disminución de la enfermedad (%), ESG = escala de susceptibilidad del genotipo, TD = tasa de desarrollo de la enfermedad, NE = número de estolones por planta, NT = número de tallos por planta, NTuPP = número de tubérculos por planta, Ptu = peso de tubérculo.

Las variables RTO vs NE mostraron asociación positiva alta ($r= 0,70^*$) y RTO vs NT media ($r= 0,46^*$). Esto indica que para mejorar el RTO, se puede seleccionar con base en el NE y en el NTuPP, con el cual, presentó un r igual a $0,71^*$. Para la relación RTO vs NT, el AS mostró que la mayor parte de esta dimensión esta explicada por el efecto indirecto a través de NTuPP con un valor de 0,34. Las asociación entre RTO vs PTu mostró un valor de asociación $r= 0,70^*$. De igual manera el AS mostró que los efectos directos explicaban la mayor proporción de la dimensionalidad de la correlación, con un valor de 0,62 (Tablas 2 y 3).

En la Tabla 4 se presenta el ACP de las variables relacionadas con los componentes rendimiento y de reacción a la enfermedad causada por *P. infestans* en 79 introducciones de *S. tuberosum* grupo *andigena*. Se puede observar que los tres primeros componentes explican el 82,70% de la varianza total. Tal como lo explican Núñez y Escobedo (2014), el ACP es un procedimiento matemático que transforma un conjunto de variables de respuesta correlacionadas a partir de la matriz de correlación de las variables originales, o en su defecto, la matriz de varianzas-covarianzas, en un conjunto menor de variables no correlacionadas llamadas componentes principales (CP), que resultan tantos como variables evaluadas. En este caso, las variables incluidas en el ACP fueron RTO, NTuPP, PTu, SEV, TD y rAUDPC, las cuales produjeron seis CP.

Tabla 3. Análisis de Sendero (AS) para las variables relacionadas con los componentes rendimiento y de reacción a la enfermedad causada por *P. infestans* en 79 introducciones de *S. tuberosum* grupo *andigena*.

<i>Variable</i>	<i>SEV</i>	<i>rAUDPC</i>	<i>TD</i>	<i>NT</i>	<i>NTuPP</i>	<i>Ptu</i>	<i>r_{RTO-y}</i>
<i>SEV</i>	-0.08	-0.01	0.00	0.00	-0.30	-0.11	-0.50
<i>rAUDPC</i>	-0.05	-0.01	0.00	0.00	-0.32	-0.15	-0.53
<i>TD</i>	0.01	0.00	0.01	0.00	0.02	0.03	0.07
<i>NT</i>	0.03	0.01	0.00	0.01	0.34	0.08	0.46
<i>NTuPP</i>	0.04	0.01	0.00	0.00	0.60	0.06	0.71
<i>Ptu</i>	0.01	0.00	0.00	0.00	0.06	0.62	0.70

SEV = severidad (%), rAUDPC =área bajo la curva de progreso de la enfermedad relativo, TD = tasa de desarrollo de la enfermedad, NT = número de tallos por planta, NTuPP = número de tubérculos por planta, PTu = peso de tubérculo. r_{RTO-y} = correlación entre el RTO y la variable Y

Los CP acumulan una parte de la varianza total y tienen mayor importancia y mayor varianza acumulada mientras mayor sea su valor propio. El primer CP, cuyo valor propio es de 2,90, es el que tiene más varianza acumulada (48,4%). Los dos primeros CP presentan la mayor varianza acumulada (66,2%), y así en su orden (Tabla 4). Este procedimiento es utilizado para datos cuantitativos. Se busca reducir la información, pasando de un conjunto de variables a otro más reducido que representa a las primeras, sin hacer ninguna hipótesis sobre el significado de los factores (David *et al.*, 2016).

Tabla 4. Análisis de Componentes Principales (ACP) para las variables relacionadas con los componentes rendimiento y de reacción a la enfermedad causada por *P. infestans* en 79 introducciones de *S. tuberosum* grupo *andigena*.

Variable	Componentes principales (CP)		
	1	2	3
RTO	0,91	0,32	0,01
SEV	-0,74	0,34	-0,07
rAUDPC	-0,78	0,29	-0,03
TD	0,15	-0,26	-0,95
NTuPP	0,78	-0,27	0,22
Ptu	-0,55	0,79	-0,20
Autovalor	2,90	1,07	0,99
V	0,484	0,179	0,165
VA	0,484	0,662	0,827

RTO = rendimiento (kg/planta), SEV = severidad (%), rAUDPC = área bajo la curva de progreso de la enfermedad relativo, TD = tasa de desarrollo de la enfermedad, NTuPP = número de tubérculos por planta, PTu = peso de tubérculo, V = proporción de la varianza explicada por el CP, VA = proporción de la varianza acumulada que explican los CP.

Para la selección de los CP, se tuvo en cuenta el Criterio de Kaiser, el cual se basa en la elección de CPs cuyos valores o pesos superan la unidad, los cuales son los mejor representados, aunque el criterio más utilizado es el de observar el porcentaje de varianza total explicada por cada componente o factor, y cuando éste llega a un porcentaje acumulado considerado alto, normalmente cerca del 80%, significa que el número de factores es suficiente (Bernal *et al.*, 2019). Con base en estas

consideraciones se seleccionaron para explicar la varianza de la población estudiada, los tres primeros CP que explican el 82,7% (Tabla 4).

Las variables RTO, SEV, rAUDPC y NuPP son las que definen el CP uno, con valores de correlación variable factor (rv-f) entre -0,74 a 0,91. El CP dos está relacionado con el PTu que generó el mayor aporte a la varianza total del componente con una rv-f de 0,79. En cuanto al CP tres, la variable TD es la que mayor aporte hace a la dimensión de rv-f con -0,95 (Tabla 4).

Según el Análisis de Clasificación se identificaron cuatro grupos (Tablas 5 y 6). El primer grupo estuvo conformado por 39 genotipos que correspondieron a 7, 21, 25, 26, 27, 28, 34, 35, 36, 38, 47, 48, 49, 50, 54, 56, 62, 64, 65, 66, 70, 71, 74, 76, 79, 80, 83, 84, 85, 86, 90, 92, 93, 95, 97 y el testigo susceptible Capiro identificado por T1, T2, T3, T4, los cuales correspondieron al 49,37% de la población. Este grupo se caracteriza por presentar uno de los mayores porcentajes de SEV (86,90%) respecto a la media general de la población (M-Po) que fue de 53,96%. Por otra parte, muestra un rAUDPC de 0,80, con 9,31 NTuPP y un Ptu de 54,11g, los cuales son inferiores estadísticamente a los valores promedio de M-Po.

El segundo grupo estuvo conformado por 33 genotipos, los cuales fueron 12, 13, 22, 23, 24, 29, 30, 31, 33, 39, 41, 42, 44, 45, 46, 55, 57, 58, 59, 63, 67, 68, 69, 72, 73, 77, 78, 82, 87, 89, 91, 94 y 99 que representan el 36,71% del total de los individuos estudiados (Tabla 5). Este grupo presentó un RTO de 1,16 Kg.planta⁻¹ que es mayor respecto a M-Po de 0,94 Kg.planta⁻¹. También registró una SEV baja (19,33%), una TD de 0,06, valores que difieren estadísticamente de los promedios poblacionales. Igualmente, la TD (0,06) y el NTuPP (16,59) fueron superiores a la M-Po (Tabla 6).

Tabla 5. Análisis de clasificación jerárquica para 79 introducciones de *S. tuberosum* grupo *andigena* evaluados por su reacción a la enfermedad causada por *P. infestans*.

Grupo	Número introducciones	Participación (%)	Introducciones
1	39	49,37	7, 21, 25, 26, 27, 28, 34, 35, 36, 38, 47, 48, 49, 50, 54, 56, 62, 64, 65, 66, 70, 71, 74, 76, 79, 80, 83, 84, 85, 86, 90, 92, 93, 95, 97, T1, T2, T3, T4
2	33	41,77	12, 13, 22, 23, 24, 29, 30, 31, 33, 39, 41, 42, 44, 45, 46, 55, 57, 58, 59, 63, 67, 68, 69, 72, 73, 77, 78, 82, 87, 89, 91, 94, 99
3	5	6,33	20, 53, 61, 75, 100
4	2	2,53	40, 60

El grupo tres incluyó a los genotipos 20, 53, 61, 75 y 100 que son el 6,33% de la población total. Este grupo exhibió el mayor RTO con 2,03 Kg.planta⁻¹) superior a la M-Po, una SEV (12,10%) menor a la M-Po. En cuanto al PTu (164,84 g) registró un promedio estadísticamente superior a la M-Po que exhibió un promedio de 72,40 g. Finalmente, el grupo cuatro integró a los genotipos 40 y 60, que presentaron los mayores promedios de PTu y RTO con 272,29 g y 1,86 Kg.planta⁻¹, en su orden, valores que son mayores a la media general (Tablas 5 y 6).

Tabla 6. Características de cuatro formados en el Análisis de Clasificación según seis variables relacionadas con componentes de la enfermedad *P. infestans* y rendimiento en 79 genotipos de papa *Solanum tuberosum*.

Variables	M-Po N=79	DE-Po	M-G 1 N=39	DE-G1	M-G 2 N=33	DE-G2
SEV	53,96	36,84	86,90*	13,01	19,33*	13,28
rAUDPC	0,54	0,44	0,80*	0,32	0,29*	0,42
TD	0,03	0,17	0,01*	0,01	0,06*	0,26
NTuPP	12,47	6,79	9,31*	5,16	16,59*	6,86
Ptu	72,40	50,77	54,11*	32,49	67,89*	26,73
RTO	0,94	0,68	0,56	0,46	1,16*	0,59
Variables	M-G 3 N=5	DE-G3	M-G 4 N=2	DE-G4		
SEV	12,10*	11,72	87,50*	17,68		
rAUDPC	0,10*	0,10	0,74*	0,37		
TD	0,01*	0,00	0,02	0,01		

NTuPP	12,27	3,93	6,84*	1,18
Ptu	164,84*	20,85	272,29*	3,84
RTO	2,03*	0,71	1,86*	0,30

SEV = severidad (%), rAUDPC =área bajo la curva de progreso de la enfermedad relativo, TD = tasa de desarrollo de la enfermedad, NTuPP = número de tubérculos por planta, PTu = peso de tubérculo, RTO = rendimiento (kg/planta), M-Po = media de la población evaluada, DE-Po = desviación estándar de la población evaluada, M-G = media del grupo, DE-G = desviación estándar del grupo, N = número de individuos.

Como se observa en los resultados descritos anteriormente, en el grupo tres se ubican las introducciones de mejor comportamiento respecto a la enfermedad con menores valores de SEV y rAUDPC; sin embargo, en el grupo cuatro, se ubican las introducciones de mejor comportamiento respecto al RTO, aún bajo la presión del gradiente de la enfermedad, puesto que a pesar de reportar valores de SEV altos significativos en comparación con la M-Po, presentaron los valores más altos para el PTu, por ejemplo, el genotipo 40 que corresponde a la variedad Roja Huila M6 (UdenarStGua40) presenta el mayor PTu con 275 g.

Por otro lado, el índice de selección (IS) permitió seleccionar 10 introducciones sobresalientes respecto a la población original (Tabla 7). Estas presentan un IS que oscila entre 1,90 y 3,63 con diferencias estadísticas respecto a la media poblacional (IS = 0,00).

Tabla 7. Índice de selección y media de las variables de las introducciones de papa *S. tuberosum* grupo *andigena* escogidas por su buen comportamiento en rendimiento (RTO) y bajos niveles de severidad (SEV) de *P. infestans* con los controle susceptibles y resistentes.

Genotipo	RTO	SEV	rAUDPC	dAUDPC	ESG	TD	NE	NT	NTuPP	Ptu	IS
UdenarStGua75	<u>3,07</u>	<u>1,00</u>	<u>0,00</u>	<u>99,54</u>	0,02	0,00	23,33	3,00	18,00	<u>170,37</u>	<u>3,63</u>
UdenarStGua61	<u>2,24</u>	<u>5,33</u>	<u>0,06</u>	<u>92,76</u>	0,32	0,01	12,00	<u>4,00</u>	11,33	<u>197,94</u>	<u>2,71</u>
UdenarStGua23	<u>2,03</u>	<u>8,33</u>	<u>0,09</u>	<u>88,94</u>	0,50	0,01	<u>32,67</u>	<u>4,00</u>	<u>32,33</u>	62,89	<u>2,59</u>
UdenarStGua73	<u>2,15</u>	<u>10,00</u>	0,11	86,31	0,61	0,01	22,00	1,67	<u>20,67</u>	104,03	<u>2,33</u>
UdenarStGua53	<u>1,87</u>	<u>5,00</u>	<u>0,04</u>	<u>95,08</u>	<u>0,22</u>	0,01	15,67	1,33	12,67	<u>147,89</u>	<u>2,15</u>
UdenarStGua77	<u>1,65</u>	<u>10,00</u>	<u>0,05</u>	<u>93,12</u>	<u>0,31</u>	0,01	<u>25,00</u>	<u>4,00</u>	<u>22,33</u>	73,88	<u>2,09</u>
UdenarStGua29	<u>2,00</u>	21,67	0,26	66,60	1,50	0,01	<u>29,67</u>	3,00	<u>28,00</u>	71,43	<u>2,06</u>
UdenarStGua12	<u>1,90</u>	<u>16,67</u>	0,20	74,28	1,15	0,01	<u>26,67</u>	2,33	<u>25,67</u>	74,03	<u>2,00</u>
UdenarStGua68	1,55	<u>2,17</u>	<u>0,01</u>	<u>98,32</u>	<u>0,08</u>	0,00	21,00	2,33	13,67	113,41	<u>1,96</u>
UdenarStGua78	<u>1,78</u>	<u>15,00</u>	0,17	78,56	0,96	0,01	<u>24,67</u>	2,33	<u>20,33</u>	87,70	<u>1,90</u>

Media (IDS)	2,03	9,52	0,10	87,35	0,57	0,01	23,27	2,80	20,50	110,36	2,34
DE (IDS)	0,42	6,63	0,09	10,92	0,49	0,00	6,12	0,97	6,87	46,74	0,53
Media Po (M)	0,94	53,96	0,54	30,76	2,77	0,03	15,08	2,03	12,47	72,40	0,00
DE Po (DE)	0,68	36,84	0,44	56,70	2,33	0,17	7,41	1,07	6,79	50,77	1,53
M+DE o M-D*	1,62	17,12*	0,10*	87,46	0,44*	-0,14*	22,49	3,11	19,26	123,17	1,53
IDS-M	1,09	-44,44	-0,44	56,59	-2,20	-0,02	8,18	0,77	8,03	37,96	2,34
Capiro (S)	0,05	95,00	0,78	0,25	4,47	0,02	2,83	1,25	2,58	22,02	-1,95
Betina (MR)	0,43	100,00	0,46	41,13	2,64	0,03	15,67	1,33	14,33	30,23	-0,84
P. Suprema (AR)	<u>1,78</u>	30,00	0,35	54,62	2,03	0,01	<u>35,33</u>	<u>5,33</u>	<u>26,67</u>	66,88	<u>1,84</u>

IDS = introducciones seleccionadas, Po = población evaluada, DE = desviación estándar, * = diferencias significativas al una probabilidad de 0,05, IS = índice de selección (RTO estimado). Medias en negrita, cursiva y subrayadas presentan diferencias significativas.

Las introducciones UdenarStGua53 (CIP 300046.22), UdenarStGua61 (CIP 391011.17), UdenarStGua68 (CIP 392557.171), UdenarStGua73 (CIP 393079.4), UdenarStGua75 (CIP 393280.82), UdenarStGua77 (CIP 393371.164) y UdenarStGua78 (CIP 393371.58) provienen del CIP, donde están reportados como resistentes al ataque de *P. infestans* (CIP, 2019). Dicho comportamiento fue similar en el presente estudio, donde obtuvieron valores de SEV entre 1 a 16,67% y con RTOs entre 1,65 y 3,07 kg.planta⁻¹, con diferencias significativas respecto a las variedades control Capiro (0,05 kg.planta⁻¹) y Betina (0,43 kg.planta⁻¹).

Los RTO de las 10 introducciones superan estadísticamente a la población original y a las variedades Betina y Capiro, que son moderadamente resistente y susceptible, equitativamente. Respecto a la población original, las 10 introducciones seleccionadas superaron a la media de la población en 1,09 kg.planta⁻¹, lo cual representa una ganancia en RTO del 53%, sin embargo, esta ganancia está sujeta a factores como la intensidad de selección, el diferencial de selección (IDS-Po) y la heredabilidad, los cuales definen la verdadera ganancia conocida como ganancia genética (Nyquist, 1991).

CONCLUSIONES

Los análisis de Componentes Principales y de Clasificación Jerárquica permitieron discriminar introducciones de *Solanum tuberosum* grupo *andigena* tolerantes de susceptibles al inoculo natural de *Phytophthora infestans*. En cuanto a las correlaciones de rendimiento con severidad y área bajo la curva de progreso de la enfermedad relativo, mostraron una correlación negativa. Los genotipos seleccionados mostraron altos valores de rendimiento por planta y en su mayoría valores de severidad por debajo de la media poblacional menos una desviación estándar. Dentro de las introducciones seleccionadas, existen siete introducciones del Centro Internacional de la Papa-CIP que se consideran como fuente potencial de resistencia a *P. infestans*, por lo tanto, se recomiendan para ser incluidas en un programa de mejoramiento que busque la obtención de variedades tolerantes a la enfermedad.

BIBLIOGRAFÍA

Agronet. Red de información y comunicación del sector Agropecuario Colombiano. 2018. Estadísticas de lulo.

<https://www.agronet.gov.co/estadistica/Paginas/home.aspx?cod=1>; Consulta: 15/01/2019.

Andrade, A.J., Capezio, S.B. y Huarte, M.A. 2016. Caracterización de progenitores de papa en base a aptitud combinatoria y heterosis para la búsqueda de resistencia a *Phytophthora infestans*. Rev. FCA UNCUYO. 48(1): 9-20.

Barquero, M., Gómez, L. y Brenes, A. 2005. Resistencia al tizón tardío (*Phytophthora infestans*) en clones promisorios de papa en Costa Rica. Agronomía Costarricense 29(3): 31-45.

Bernal, J., Martínez, M.D. y Sánchez, J.F. 2019. Modelización de los factores más importantes que caracterizan un sitio en la red.

https://www.um.es/asepuma04/comunica/bernal_martinez_sanchez.pdf; consulta: 22/11/2019.

Betancourth, G., Portilla, E. y Salas P. 2008. Evaluación de la reacción de nueve genotipos de papa (*Solanum tuberosum* subsp. *andigena*) al ataque de *Phytophthora infestans* (Mont) de Bary. Agronomía Colombiana. 26(3): 411-416.

Campbell, C.L. y Madden, L.V. 1990. Introduction to plant disease epidemiology. New York, John Wiley & Sons. 532p. FEDEPAPA. FEDERACION COLOMBIANA DE LA PAPA. 2018. Boletín Mensual Regional No. 3. 2(3): 2.

<https://fedepapa.com/wp-content/uploads/2017/01/NARI%C3%91O-2018.pdf>;

Consulta: 8/11/19.

CIP. Centro Internacional de la Papa. 2019. Catálogo de clones.

https://research.cip.cgiar.org/cipcatlg_ac/Catalogue.php?cipnumber=CIP391002.6;

Consulta: 17/11/2019.

Cristinzio, G y Testa, A. In vitro evaluation of resistance of potato cultivars to *Phytophthora infestans*.

https://www.researchgate.net/publication/225168324_In_vitro_evaluation_of_resistance_of_potato_cultivars_to_Phytophthora_infestans/link/09e41505770ed135a3000000/download; Consulta: 13/11/2109.

Clive, J. 1977. An illustrated series of assessment keys for plant diseases, Their preparation and usage. Can. Plant Dis. Surv. 51 (2): 39-65.

Clive J. 1970 A manual of diseases assessment keys for plant diseases. Canadian Department of Agriculture. 50 p.

David, R.N., Abdala, G.C., Abdala, M.E. y Lescano, J.A. 2016. Empleo del análisis multivariado en la evaluación de factores no genéticos de cabras Criollas. Arch. Zootec. 65 (250): 197-202.

Díaz, M., Fajardo, D., Moreno, J.D., García, C., Nuñez, V. 2003. Identificación de Genes R1 y R2 que confieren resistencia a *Phytophthora infestans* en genotipos colombianos de papa. Revista Colombiana de Biotecnología. 5(2): 40-50.

Estrada, N. (2000). La biodiversidad en el mejoramiento genético de la papa. La Paz, Bolivia, 372.

Forbes, G.A. y Huarte, M. 2014. La resistencia al Tizón Tardío como herramienta de control en los países en desarrollo. Revisa Latinoamericana de la Papa. 18(2):36-58.

García, H.; Marín, M; Jaramillo, S; Cotes, J. 2008. Sensibilidad de aislamientos colombianos de *phytophthora infestans* a cuatro fungicidas sistémicos. Agronomía Colombiana. 26(1), 47-57.

Gabriel, J., Carrasco, E., Garcia, W., Eguise, H., Navia, O., Torres, R., Ortuño, N., Franco, J., Thiele, G. y Estrada. N. 2001. Experiencias y logros sobre mejoramiento convencional y selección participativa de papa en Bolivia. Revista Latinoamericana de la Papa. 12: 169-192.

Huarte, M. y Capezio, S. 2003. Niveles disponibles de resistencia al Tizón tardío. 12p. <https://www.researchgate.net/publication/234138292>; Consulta: 16/11/2019.

IDEAM (Instituto de Hidrología, Meteorología y Estudios Ambientales). 2016. Reporte Técnico estación meteorológica Botana. Pasto. Nariño.

IGAC (Instituto Geográfico Agustín Codazzi). 2005. Estudio general de suelos y zonificación de tierras del departamento de Nariño. Bogotá.

Juyó, D.K., Gerena, H.N. y Mosquera, T. 2011. Evaluación de marcadores moleculares asociados con resistencia a goma (Phytophthora infestans L.) en papas diploides y tetraploides. Rev. Colomb. Biotecnol. 13(2): 51-62.

López, A. y Chaparro, A., 2007. Propuesta de un sistema de transformación de plantas de papa (*Solanum tuberosum* sp. *andigena* var. Pastusa Suprema) mediado por *Agrobacterium tumefaciens*. Agronomía Colombiana 25(1): 16-25.

Lagos, L. 2012. Evaluación del potencial genético de algunos parentales de tomate de árbol *Cyphomandra betacea* Cav. Sendt. A partir de un dialélico parcial circulante. Tesis Maestría. Universidad Nacional de Colombia, sede Palmira. Palmira. 75 p.

Muñoz; M., Acuña, I. y Sagredo, B. 2019. Resistencia varietal al tizón tardío de la papa. Capítulo 7. En: Tizón tardío de la papa: Estrategias de manejo integrado con alertas temprana. Boletín INIA. 18p.

<http://biblioteca.inia.cl/medios/biblioteca/boletines/NR41545.pdf>; Consulta: 16/11/2019.

Nyquist, W.E. 1991. Estimation of heritability and prediction of selection response in plant populations. Critical Reviews in Plant Sciences. 10(3): 235-322.

- Núñez, C.A. y Escobedo, D. 2014. Caracterización de germoplasma vegetal: la piedra angular en el estudio de los recursos fitogenéticos. *Acta agrícola y pecuaria*. 1 (1): 1-6.
- Pérez, W. y Forbes, G. 2008. Manual técnico. El tizón tardío de la papa. Centro Internacional de la Papa (CIP), Lima, Perú. 41p.
- Quevedo, E., Cancino, G.O. y Barragán, A.R. 2017. Modelos de regresión para estimar el peso seco de órganos y área del limbo del duraznero, variedad Jarillo. *Revista U.D.C.A.* 20(2): 299-310
- Rodríguez, L., Ñustez, C. y Estrada, N. 2009. Criolla Latina, Criolla Paisa y Criolla Colombia, nuevos cultivares de papa criolla para el departamento de Antioquia (Colombia). *Agronomía Colombiana*. 27(3): 289-303.
- Rojas, P.C., Pérez, N., Colinas, M.T., Castellanos, J. y García, E. 2008. Modelos matemáticos para estimar el crecimiento del fruto de chile Manzano (*Capsicum pubescens* R y P. *Revista Chapingo*. 14(3): 289-294.
- Román, M., Rivera, C., Orbegozo, J., Serna, F., Gamboa, S., Perez, W., Suarez, V., Forbes, G., Kreuse, J. y Ghislain, M. 2015. Resistencia a *Phytophthora infestans* linaje clonal EC-1 en *Solanum tuberosum* mediante la introducción del gen RB. *Revista Peruana de Biología* 22(1): 063-070.
- Solano, J., Acuña, I., Esnault, F. y Brabant, P. 2014. Resistance to *Phytophthora infestans* in *Solanum tuberosum* landraces in Southern Chile. *Tropical Plant Pathology*. 39(4): 307-315.
- Stiles, F. 2000. Curso de muestreo y análisis estadístico en investigaciones biológicas. Pasto, Universidad de Nariño. 153p.
- UNAL. UNIVERSIDAD NACIONAL DE COLOMBIA. 2019. Variedades liberadas por la Universidad Nacional de Colombia. Grupo de Investigación en papa. <http://papaunc.com/variedades-liberadas-por-la-universidad-nacional-de-colombia>; Consulta: 16/11/2019.
- Van der PlanK, J.E. 1963. Plant diseases: epidemics and control. New York, Academic. 349p.
- Yuen, J.E. y Forbes, G. 2009. Estimating the level of susceptibility to *Phytophthora infestans* in potato genotypes. *Phytopathology*. 99: 783-786.

